



Identification paramétrique de grandes structures : réanalyse et méthode évolutionnaire

Christophe Berthod

► To cite this version:

Christophe Berthod. Identification paramétrique de grandes structures : réanalyse et méthode évolutionnaire. Mécanique [physics.med-ph]. Université de Franche-Comté, 1998. Français. NNT : . tel-00011640

HAL Id: tel-00011640

<https://theses.hal.science/tel-00011640>

Submitted on 17 Feb 2006

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

THÈSE

présentée et soutenue publiquement à

L'U.F.R. DES SCIENCES ET TECHNIQUES
DE L'UNIVERSITÉ DE FRANCHE-COMTÉ

le 12 juin 1998

pour obtenir le grade de

DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE FRANCHE-COMTÉ
Spécialité Sciences Pour l'Ingénieur

IDENTIFICATION PARAMÉTRIQUE DE GRANDES STRUCTURES : RÉANALYSE ET MÉTHODE ÉVOLUTIONNAIRE

par

Christophe BERTHOD

Jury

G. COFFIGNAL
L. JEZEQUEL
G. LALLEMENT
R. FILLOD
S. COGAN
N. ROY

Professeur à l'ENSAM de Paris
Professeur à l'École Centrale de Lyon
Professeur à l'Université de Franche-Comté
Professeur à l'Université de Franche-Comté
Chargé de recherche CNRS à l'Université de Franche-Comté
Ingénieur de recherche chez INTESPACE à Toulouse

Président, Rapporteur
Rapporteur
Examineur
Examineur
Examineur
Examineur

A ma petite famille :
ma mère, mon frère, ma soeur

Remerciements

Les travaux de thèse présentés dans ce mémoire ont été réalisés au **Laboratoire de Mécanique Appliquée R.Chaléat** à Besançon. Ils ont été rendus possibles grâce à l'accueil chaleureux et au soutien de Monsieur le Professeur Gérard Lallement, et à l'assistance permanente, efficace et amicale de Monsieur Scott Cogan. Je leur suis très reconnaissant de la confiance qu'ils m'ont toujours témoigné au cours de ce doctorat.

J'adresse mes plus vifs remerciements à Messieurs les Professeurs Gérard Coffignal et Louis Jézéquel qui m'ont fait l'honneur de participer à mon jury de soutenance en tant que rapporteurs.

Je remercie Monsieur le Professeur René Fillod pour l'intérêt qu'il a porté à ce travail et pour ses remarques pertinentes. J'exprime également ma sincère reconnaissance à Monsieur Nicolas Roy pour sa disponibilité et sa cordiale collaboration lors de mes contacts avec la société Intespace.

Enfin, c'est avec un profond sentiment de sympathie que je remercie tous mes collègues docteurs et doctorants de l'équipe Dynamique des Structures du LMARC, ainsi que le personnel d'encadrement et du secrétariat.

Table des matières

Introduction générale	1
I Étude de méthodes de réanalyse approchée de structures mécaniques modifiées	13
Notations relatives à la première partie	15
Introduction	17
1 Algorithmes de réanalyse approchée	21
1.1 Définitions communes	21
1.1.1 Hypothèses générales	21
1.1.2 Troncature modale	22
1.1.3 Flexibilité dynamique	22
1.1.4 Formulation des matrices modifiées	24
1.1.5 Système modifié	26
1.2 Approche classique de Rayleigh-Ritz	26
1.2.1 Formulation du système réduit	26
1.2.2 Bornes supérieures sur les valeurs propres exactes	28
1.2.3 Remarques à propos de la convergence de la méthode	28
1.3 Extension de la base de Ritz avec des vecteurs d'erreur	29
1.3.1 Calcul des vecteurs d'erreur	29
1.3.2 Formulation du nouveau système réduit	30
1.3.3 Quelques observations	31
1.4 Extension de la base de Ritz avec des vecteurs de résidus statiques . . .	32
1.4.1 Justification de la procédure	32
1.4.2 Évaluation d'une base de vecteurs de force indépendants	33
1.4.3 Calcul de la solution statique	34
1.4.4 Traitement des modes de corps rigide	35

1.4.5	Estimation des modes résiduels	37
1.4.6	Formulation du nouveau système réduit	38
1.4.7	Quelques remarques	38
2	Applications numériques	41
2.1	Petite structure industrielle	42
2.1.1	Présentation	42
2.1.2	Première perturbation	42
2.1.3	Seconde perturbation	44
2.2	Grande structure industrielle	46
2.2.1	Présentation	46
2.2.2	Paramétrisation	49
2.2.3	Création des vecteurs enrichissant la base de Ritz	49
2.2.4	Définition de la première perturbation	51
2.2.5	Comparaison des résultats	53
2.2.6	Définition de la seconde perturbation	53
2.2.7	Comparaison des résultats	56
2.3	Conclusion	58
3	Précision des valeurs propres approchées	61
3.1	Bornes d'erreur supérieures a posteriori	61
3.1.1	Force résiduelle	61
3.1.2	Bornes basées sur l'inverse de M	62
3.1.3	Bornes basées sur le déplacement statique résiduel	63
3.2	Quelques remarques	64
	Conclusion	67
II	Application d'une méthode évolutionnaire d'optimisation au recalage de modèles	69
	Notations relatives à la deuxième partie	71
	Introduction	73
1	Description de la méthode	75
1.1	Principes des techniques de calcul évolutionnaire	75

1.1.1	Algorithmes génétiques	75
1.1.2	Programmes évolutionnaires	76
1.1.3	Discussion	77
1.1.4	Bases théoriques	77
1.2	Spécificités liées au recalage	78
1.2.1	Optimisation multimodale	78
1.2.2	Prise en compte des contraintes	79
1.2.3	Évaluation de la fonction coût	80
1.3	Présentation des opérateurs	81
1.3.1	Initialisation de la population	81
1.3.2	Sélection en vue du croisement	82
1.3.3	Crossover	82
1.3.4	Mutation	84
1.3.5	Sélection de la nouvelle population	84
1.3.6	Estimation de la distribution des paramètres	85
1.3.7	Insertion de l'individu le plus probable	86
1.3.8	Contrôle des niches	87
1.3.9	Réduction du nombre des évaluations	90
1.3.10	Critères de convergence	91
1.3.11	Synthèse	92
2	Applications numériques	93
2.1	Qualification d'une procédure évolutionnaire	93
2.1.1	Présentation de la fonction à optimiser	93
2.1.2	Présentation des tests	95
2.1.3	Résultats	96
2.1.4	Structure de l'algorithme final	102
2.2	Recalage	103
2.2.1	Présentation du modèle	103
2.2.2	Paramétrisation	105
2.2.3	Perturbation du modèle et simulation des mesures	107
2.2.4	Réanalyse approchée	107
2.2.5	Configuration du programme d'optimisation	108
2.2.6	Fonction coût	109
2.2.7	Présentation des tests	110
2.2.8	Résultats	111

Conclusion	117
 III Logiciel Proto-Dynamique	 119
Introduction	121
 1 Architecture	 123
1.1 Installation	123
1.2 Base de données	124
1.2.1 Exigences	124
1.2.2 Organisation	125
1.2.3 Désignation	125
1.3 Tables de configurations	125
1.4 Interfaces utilisateur	126
 2 Fonctionnalités	 127
2.1 Interfaces utilitaires	127
2.2 Importation de données	128
2.2.1 Modèles éléments finis	128
2.2.2 Analyse modale expérimentale	128
2.3 Réponses fréquentielles	128
2.4 Visualisation graphique	129
2.5 Paramétrisation	130
2.5.1 Macro-éléments	130
2.5.2 Paramètres physiques	130
2.6 Repère et ddl communs	131
2.7 Sélection des données modales actives	131
2.8 Création de la base de Ritz	131
2.9 Réanalyse	132
2.10 Outils de comparaison	132
2.11 Méthodes de recalage	132
2.11.1 Sensibilité modale	133
2.11.2 Recalage modal direct	133
2.11.3 Méthode évolutionnaire	133
 Conclusion	 135

Conclusion générale	137
Références bibliographiques	141
Annexes	151
A Décomposition en valeurs singulières	153
A.1 Propriétés	153
A.2 Calcul des vecteurs décomposés	154
B Prise en compte des modes de corps rigide	157
B.1 Rappels	157
B.2 Décalage spectral	158
B.3 Filtrage inertiel	159
C Analyse corrélationnelle des solutions modales	163
C.1 Appariage des modes	163
C.1.1 Appariage par calcul de coefficients de projection	164
C.1.2 Appariage par optimisation avec contraintes	164
C.1.3 Critères d'appariage	165
C.2 Critères de comparaison des fréquences propres	165
C.2.1 Distance relative	165
C.2.2 Erreur généralisée	166
C.3 Critères de comparaison des vecteurs propres	166
C.3.1 Distance relative	166
C.3.2 Critère d'assurance modale	166
C.3.3 Erreur généralisée	167
C.3.4 Facteur d'échelle	167
C.3.5 Critère d'assurance modale sur les coordonnées	167

Introduction générale

Introduction générale

Motivations

Dans le domaine de l'industrie des transports, l'élaboration d'un nouveau produit demande des mois, voire des années d'effort de la part des ingénieurs et des techniciens. Son succès détermine l'avenir de l'entreprise et engage sa responsabilité vis-à-vis des populations présentes et futures qui utilisent et utiliseront les moyens de transports. Le développement des industries automobiles, ferroviaires, aéronautiques et spatiales nécessite donc de plus en plus des réflexions profondes en matière de technologies soucieuses des bienfaits mais également des nuisances à la population et à l'environnement. Actuellement, les perspectives les plus récentes révèlent qu'un développement durable des transports passe notamment par la réduction de la consommation d'énergie fossile et du poids des véhicules.

Le poids des automobiles, trains ou avions, constitue un facteur déterminant des consommations d'énergie, des émissions de gaz à effet de serre, des coûts en matériaux, des problèmes d'élimination des épaves, et la tendance doit être de le réduire. Des pistes existent pour y parvenir : utilisation d'alliages légers dans la fabrication des poutres et des coques des structures internes, diminution de l'importance de la câblerie reliant les organes de commandes aux asservissements, recherche de garnitures à la fois ergonomiques et peu denses, etc. Mais il convient de s'intéresser aussi aux vibrations de la matière, plus souvent sources de désagréments que d'avantages.

L'incidence des vibrations sur la bonne tenue des marchandises embarquées, un satellite placé sur son lanceur par exemple, a une influence néfaste car elle oblige à placer des supports spéciaux afin de les isoler. Réduire le bruit améliore aussi le confort acoustique, à l'intérieur et à l'extérieur de l'enceinte, et la sécurité des passagers, mais cela permet surtout d'alléger sensiblement les véhicules puisqu'on peut éviter

d'introduire des matériaux absorbants dans les structures. La maîtrise des vibrations apparaît donc comme un moyen de lutter contre le poids des véhicules en diminuant la quantité de matière là où les critères de résistance structurelle le permettent.

L'étude du comportement vibratoire des structures devient une étape essentielle, sinon incontournable, dans la phase de conception des produits industriels. Plusieurs facteurs contribuent à cette évolution : l'amélioration de la fiabilité, la recherche de meilleures performances, la réduction du niveau sonore, la diminution de la fatigue des matériaux et donc l'augmentation de la durée de vie des produits. En terme de quantifications, le comportement dynamique d'une structure peut être déterminé par la connaissance des paramètres modaux tels que les fréquences propres, les formes propres des modes, les facteurs d'amortissement et les masses généralisées. Ce sont ces entités que les mécaniciens en élastodynamique cherchent à estimer afin de prévoir les déplacements de la structure en réponse aux excitations extérieures. Deux voies sont à leur disposition : l'approche expérimentale et l'approche théorique.

Les essais de vibration sur structures réelles ou prototypes permettent d'appréhender la dynamique du système et d'établir sa représentation modale grâce aux techniques d'analyse modale expérimentale. A titre d'exemple, pour un avion, les essais au sol fournissent des paramètres modaux utilisés ensuite pour prévoir sa stabilité aérodynamique et ses réponses engendrées par des phénomènes tels que les turbulences atmosphériques, les forces non stationnaires induites par les manœuvres, ou les excitations vibro-acoustiques issues des turbomoteurs. Les procédures expérimentales sont très pointues et constituent un domaine d'avancée technologique, citons en particulier les accéléromètres de quelques dixièmes de grammes et l'acquisition des déplacements de grandes surfaces par des moyens interférométriques. Bien que les forces d'excitation et les conditions aux limites ne soient pas toujours convenablement reproduites par rapport à l'environnement réel, les essais continuent, malgré leur coût, de constituer la preuve tangible que la structure considérée satisfait aux spécifications recherchées.

Une connaissance théorique du comportement vibratoire des structures passe nécessairement par une modélisation mathématique. La technique la plus utilisée est la méthode de la modélisation par éléments finis qui considère la structure comme une distribution de masse et de raideur dans un maillage d'éléments distincts. La prédiction des réponses dynamiques est alors possible avant même que la structure ne soit construite, ce qui permet de maîtriser les aspects de la conception relatifs aux problèmes de

bruit et de fatigue. De façon pratique, la représentation modale de la structure est obtenue à partir de la connaissance des matrices d'état, c'est-à-dire la matrice de masse et la matrice de raideur, après résolution d'un problème aux valeurs propres. Cette opération correspond à une analyse de structure.

Toutefois, on doit garder à l'esprit que la création d'un modèle éléments finis d'une carrosserie d'automobile ou d'un fuselage d'avion, nécessitant généralement des milliers d'heures de travail, aboutit à un modèle qui est certes fin et complexe mais qui n'est qu'une approximation de la structure réelle. Les incertitudes affectant le modèle sont généralement dues à une estimation erronée de la masse ou plus souvent de la raideur dans certaines zones de la structure, à une sous-estimation des phénomènes de dissipation d'énergie par amortissements, ou à un comportement pudiquement appelé non linéaire. Un recours à l'analyse modale expérimentale s'impose alors à ce stade, afin que le modèle numérique soit validé par un test dynamique réel, avant que celui-là ne serve à prédire et simuler les réponses à certaines excitations. La comparaison des paramètres modaux calculés et mesurés fournit matière à une vaste gamme de méthodes dites de recalage chargées de réconcilier le modèle analytique avec l'expérience.

Analyses et réanalyses

La recherche des valeurs et vecteurs propres de matrices est un problème récurrent dans plusieurs domaines des sciences appliquées. On distingue principalement deux champs d'application des méthodes de résolution de tels problèmes :

- le premier, le plus vaste en nombre d'études et de publications, concerne l'ensemble des problèmes relatifs à l'étude des vibrations : les problèmes aux valeurs propres y sont en général symétriques, excepté dans les modèles incluant des effets gyroscopiques ou d'amortissement ;
- le second regroupe les problèmes d'étude de la stabilité.

Dans le domaine d'intérêt de ce mémoire, la complexité et la densité du maillage éléments finis rencontrées couramment dans les modèles industriels rendent l'opération d'extraction des valeurs et vecteurs propres délicate à réaliser. La taille des modèles, évaluée en nombre de degrés de liberté (ddl), est le principal critère pour estimer la faisabilité du calcul. La plupart des méthodes numériques d'analyse de structures

sont capables de déterminer les solutions propres de systèmes de petite ($\leq 10^2$ ddl) et moyenne taille, mais seules quelques unes peuvent être appliquées, en mémoire centrale d’une station de travail standard, aux modèles de très grande taille (de 10^4 à 10^6 ddl). Un rapide tour d’horizon de ces dernières méthodes (Saad [40], Géraudin [20]) permet de mieux cerner les possibilités dans ce domaine.

- La méthode par itérations sur les vecteurs propres fournit de bons résultats sur les grands systèmes, se limitant au nombre de modes requis par l’utilisateur. Mais elle demande la résolution d’un problème statique, et sa convergence se dégrade notablement si les valeurs propres sont quasi multiples, ce qui en fait une méthode peu compétitive par rapport aux suivantes.
- Les méthodes d’évaluation par construction de sous-espaces sont basées sur une technique de projection sur les sous-espaces de Krylov (Saad [41]). Elles permettent une extraction efficace des solutions propres de grands systèmes tout en bénéficiant d’un taux de convergence élevé. Plusieurs variantes existent : méthode d’Arnoldi, méthode de Lanczos (Cullum [16]) symétrique et non symétrique, méthode par blocs (Grimes [21]), méthodes hybrides (Emad [18]). Toutes sont robustes et aptes à traiter les très grands systèmes, extrayant le nombre souhaité de modes. On les trouve intégrées dans la plupart des codes commerciaux d’analyse éléments finis. Leur mise en œuvre demande cependant un large espace mémoire et le coût en opérations est lourd.

De façon réaliste, on peut dire que la taille des modèles augmente à la même vitesse, sinon plus vite, que les capacités de calcul et de stockage en mémoire vive de nos ordinateurs. Parfois un point de blocage est déjà atteint lorsque la demande en solutions propres est trop élevée, conséquence d’une bande d’analyse fréquentielle trop vaste ou d’une densité modale trop grande pour une bande donnée. Cette tendance à la saturation risque de ne pas se résoudre dans le futur proche. Une solution peut être apportée par les approches basées sur la sous-structuration car les problèmes aux valeurs propres des sous-structures sont beaucoup plus petits et ont une densité modale plus faible, réduisant ainsi les coûts (Bennighof [6]), mais le découpage en sous-structures et la formulation des déplacements combinés pour le modèle complet ne sont pas triviaux.

Actuellement, les méthodes d’analyse sont utilisées de manière intensive afin de résoudre certains problèmes liés aux objectifs de la conception du produit :

- les problèmes d’optimisation de forme ou autres problèmes faisant intervenir des changements de géométrie, de topologie, ou de conditions aux limites ;

- le recalage du modèle par rapport aux mesures expérimentales ou autres problèmes faisant intervenir des variations locales de masse ou de raideur.

Mais la complexité des structures et le haut degré de précision demandé rendent ces procédures longues et quelquefois les excluent complètement si le temps requis pour un cycle d'analyse devient insupportable par rapport à celui réclamé par le choix d'un design. Il n'est donc pas surprenant que des méthodes d'analyse moins contraignantes, plus rapides, aient été développées dans le but de connaître les caractéristiques dynamiques d'une structure ayant subi des modifications telles que données ci-dessus. On parle alors plutôt de méthodes de réanalyse.

La question est de savoir comment obtenir les solutions propres d'une structure modifiée à partir de celles calculées de façon exacte sur la structure initiale, pour un coût minimum. Là encore, l'algorithme de Lanczos par bloc peut permettre de déterminer quelques modes, sans coût excessif, à condition que la perturbation soit de rang peu élevé (Carey [8]). Ce problème de réanalyse, plus largement traité par d'autres techniques, fait l'objet de la première partie de ce mémoire.

Optimisation paramétrique

La correction d'un modèle mathématique de structure en élastodynamique repose principalement sur la réalisation de trois phases qui elles-mêmes contiennent plusieurs étapes et problèmes particuliers :

1. la paramétrisation du modèle : localisation des zones susceptibles d'être erronées, choix des paramètres de masse ou de raideur à corriger ;
2. la formulation d'un résidu : définition de la mesure quantifiant l'erreur commise sur le modèle en référence à l'expérience, adaptation (condensation ou expansion) des deux ensembles de données l'un par rapport à l'autre ;
3. l'optimisation paramétrique : définition des contraintes à respecter sur les paramètres, recherche des modifications à imposer au modèle initial pour minimiser la distance séparant le modèle théorique de la structure réelle.

Pour parvenir au minimum de la distance, les ingénieurs se sont dès le début orientés sur des procédures d'estimation inverse. Basées sur une loi de comportement ou un développement en série de Taylor, elles fournissent un système d'équations construit à

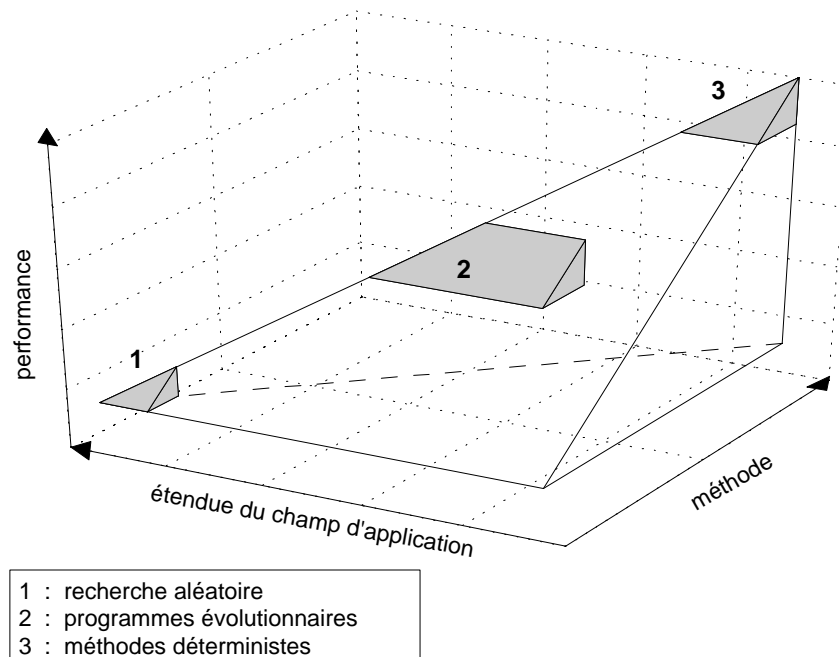
partir des données du modèle et de la structure. Après résolution, ce système donne une solution pour les paramètres de conception du modèle. Le processus complet, comprenant pour simplifier la caractérisation du modèle courant, la construction du système et le calcul des paramètres, est réitéré jusqu'à ce qu'un critère de convergence ou de divergence soit atteint.

Les méthodes inverses se sont révélées être très bien adaptées à la résolution des problèmes unimodaux, c'est-à-dire des problèmes dont la fonction coût décroît monotonement et ne possède qu'un minimum distinct. Mais comme on peut le remarquer, leur comportement s'apparente à un chemin séquentiel suivi dans l'espace des paramètres. Outre le fait que le point de départ est déterminant, les linéarisations et les adaptations de données introduisent des erreurs qui risquent de rendre illusoire la découverte du minimum global de la fonction coût et de mener plutôt vers un optimum local peu satisfaisant.

C'est pourquoi l'utilisation d'une méthode d'optimisation globale est souhaitée afin que la recherche aboutisse à un ensemble de bons candidats, des minima locaux parmi lesquels se trouve peut-être le minimum global. La nature multi-modale et non continue des fonctions coût employées en correction de modèle justifie cette démarche. Avant de poursuivre, une brève revue des méthodes globales est nécessaire (voir à ce propos Arora [48]). On en distingue deux grandes classes : les méthodes déterministes et les méthodes stochastiques.

- Les méthodes déterministes n'intègrent aucun phénomène aléatoire et tentent de trouver le minimum global sur la base d'une recherche exhaustive dans l'espace borné des paramètres. Parmi elles, les méthodes de couverture évaluent la fonction coût sur un ensemble de points répartis sur un maillage dont la non uniformité doit refléter la distribution des minima. Par ailleurs, les méthodes de descente généralisée construisent des chemins d'exploration en associant descentes vers des minima locaux, remontées pour en échapper, et calcul du gradient pour estimer la direction à suivre.
- Les méthodes stochastiques ne garantissent la découverte du minimum global que dans un sens probabiliste. La recherche purement aléatoire est la plus simple d'entre elles, mais aussi la plus inefficace. Plus élaborée, la recherche aléatoire dirigée, tel que le simplex, gère le déplacement d'une figure géométrique dans l'espace des paramètres. Quant au recuit simulé (Van Laarhoven [78]), il est basé

sur des lois de comportement de la thermodynamique et simule la descente vers les niveaux d'énergie les plus bas. Enfin, l'ensemble de méthodes sur lequel on se focalisera en deuxième partie du mémoire est constitué des méthodes de calcul évolutionnaire : algorithmes génétiques, stratégies de l'évolution.



Comparaison des méthodes d'optimisation

Il est important de bien connaître la place occupée par les méthodes évolutionnaires dans le vaste ensemble des méthodes d'optimisation. La figure ci-dessus donne une image qualitative des relations qui existent entre un type donné de méthode et d'une part la quantité de problèmes qu'elle peut traiter, d'autre part son efficacité à trouver rapidement le minimum de la fonction. On constate les points suivants :

- Les méthodes les plus “faibles” (type 1 sur la figure) sont celles qui s'appliquent sur le plus grand nombre de problèmes, mais en contrepartie elles sont peu efficaces. La recherche aléatoire et ses variantes les plus proches entrent dans cette catégorie.
- Les méthodes intermédiaires (type 2) sont robustes sur une large classe de problèmes et possèdent un niveau d'efficacité satisfaisant. Leur succès est dû à un bon dosage entre la chance et le déterminisme. Dans cet ensemble on trouve toutes les procédures évolutionnaires et certaines techniques hybrides.

- Les méthodes “fortes” (type 3) sont les plus performantes mais ne sont adaptées que pour une gamme relativement étroite de problèmes. Le hasard n’y a pas sa place et les techniques d’optimisation non linéaire y figurent.

Contenu du mémoire

Pour finir, il convient de faire un rapide résumé de notre contribution. Tout d’abord en **première partie** :

- le premier chapitre est consacré à la description théorique des différents aspects de la réanalyse approchée d’une structure modifiée, de la méthode de Ritz classique à la technique améliorée des résidus statiques ;
- dans le chapitre suivant, des cas test industriels démontrent l’utilité de la technique proposée ;
- le troisième chapitre porte sur les techniques disponibles pour borner les erreurs fréquentielles résultant d’une réanalyse approchée.

Puis en **deuxième partie** :

- le premier chapitre renseigne le lecteur sur la mise en œuvre pratique des méthodes d’optimisation évolutionnaires et dévoile le fonctionnement détaillé de nombreux opérateurs, dont certains innovants, impliqués dans ces méthodes ;
- dans le second chapitre, plusieurs algorithmes sont comparés sur un test de minimisation d’une fonction mathématique ; le plus efficace est ensuite appliqué dans le cadre d’un recalage pour optimiser les paramètres de conception d’une importante structure industrielle, tout en profitant des études précédentes sur la réanalyse approchée.

Ce mémoire serait incomplet s’il n’était pas fait référence au logiciel Proto-Dynamique, sur lequel un travail très important a été fourni pendant la préparation de la thèse, travail qui a permis de développer les méthodes proposées et d’effectuer les tests numériques. La conception de Proto-Dynamique, réalisé initialement dans la société Intespace à Toulouse en 1991, est motivée par le besoin d’avoir une plate-forme regroupant un éventail de fonctions d’analyse dans le domaine de l’élastodynamique des structures. Ce logiciel prototype doit permettre d’appliquer, sur des modèles éléments finis industriels, des méthodes aussi bien classiques qu’issues directement de

l'état de l'art de la recherche en mécanique, le tout dans un environnement le plus ouvert et modulaire possible. La **troisième partie** du mémoire traite exclusivement de Proto-Dynamique :

- son architecture originale est précisée dans le premier chapitre ;
- une synthèse de ses fonctionnalités est ensuite présentée.

PARTIE I

Étude de méthodes de réanalyse approchée de structures mécaniques modifiées

Notations relatives à la première partie

\mathbb{R}	ensemble des nombres réels
N	nombre de degrés de liberté (ddl) du modèle éléments finis
m	nombre de modes connus du modèle éléments finis
n_r	nombre de modes de corps rigide
$I_N \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice identité d'ordre N
$K \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice de raideur, symétrique et définie non négative
$M \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice de masse, symétrique et définie positive
$\Delta K, \Delta M \in \mathbb{R}^{N,N}$	respectivement, matrices symétriques de correction en raideur et en masse
\tilde{K}, \tilde{M}	respectivement, matrices de raideur et de masse du système modifié réduit
$Z \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice de raideur dynamique
$\Gamma \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice de souplesse (ou de flexibilité) dynamique
$y \in \mathbb{R}^N$	vecteur des déplacements
$f \in \mathbb{R}^N$	vecteur des forces excitatrices
$\omega \in \mathbb{R}$	pulsation d'excitation
$\lambda_\nu \in \mathbb{R}$	$\nu^{\text{ème}}$ valeur propre du système initial notation adoptée : $\lambda_1 \leq \lambda_2 \leq \dots \leq \lambda_\nu \leq \dots$
$y_\nu \in \mathbb{R}^N$	$\nu^{\text{ème}}$ vecteur propre du système initial
$\tilde{\lambda}_\nu \in \mathbb{R}$	$\nu^{\text{ème}}$ valeur propre approchée du système modifié
$\tilde{y}_\nu \in \mathbb{R}^N$	$\nu^{\text{ème}}$ vecteur propre approchée du système modifié
$\tilde{\lambda}_\nu^{ex} \in \mathbb{R}$	$\nu^{\text{ème}}$ valeur propre exacte du système modifié
$\tilde{y}_\nu^{ex} \in \mathbb{R}^N$	$\nu^{\text{ème}}$ vecteur propre exacte du système modifié

$\Lambda \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice spectrale diagonale complète
$Y \in \mathbb{R}^{N,N}$	matrice modale complète
$\Lambda_1 \in \mathbb{R}^{m,m}$	portion connue de la matrice spectrale Λ
$Y_1 \in \mathbb{R}^{N,m}$	portion connue de la matrice modale Y
$\Lambda_2 \in \mathbb{R}^{N-m,N-m}$	portion inconnue de la matrice spectrale Λ
$Y_2 \in \mathbb{R}^{N,N-m}$	portion inconnue de la matrice modale Y
$Y_e \in \mathbb{R}^{N,N-n_r}$	matrice des modes élastiques
$Y_r \in \mathbb{R}^{N,n_r}$	matrice des modes de corps rigide
$i = 1(1)N$	i variant de 1 à N avec un pas de 1
$(.)^{-1}$	inverse d'une matrice carrée
$(.)^T$	transposé
$(.)^\dagger$	inverse généralisée de Moore-Penrose
$\ v\ $	norme euclidienne pour les vecteurs
$\ M\ $	norme spectrale pour les matrices

Introduction

Un effort important a déjà été fourni afin de dégager des méthodes d'évaluation des solutions modales d'une structure dont les paramètres de conception varient. Le coût en temps de calcul est primordial, ce qui exclut les réanalyses exactes et amène à se pencher sur la problématique de la réanalyse approchée (revue de méthodes dans Wang [45]).

Il existe principalement deux grandes classes de méthodes de réanalyse approchée, à savoir d'une part les formulations faisant intervenir une analyse des perturbations par sensibilité, et d'autre part les formulations basées sur la réduction de modèle.

Dans le premier ensemble, les dérivés des valeurs et des vecteurs propres par rapport aux modifications de conception sont calculées en se basant sur une expansion de Taylor, généralement au premier ordre (voir Balmès [4], Zeng [47]). La linéarisation introduite permet de prédire les effets de petits changements de modélisation. Mais une limitation importante des équations dérivées est qu'elles s'adaptent difficilement aux cas où le modèle initial possède des valeurs propres multiples ou quasi multiples.

D'un autre côté, beaucoup d'auteurs ont abordé le sujet par le biais des transformations apportant une réduction du modèle. Les réductions les plus couramment utilisées sont les réductions statiques (Guyan) ou dynamiques, préservant un sous-ensemble de ddl physiques. D'autres réductions introduisent des coordonnées généralisées et une matrice de projection. Des techniques mixtes comportant des coordonnées physiques et généralisées existent également (Craig [15]). Une nouvelle approche, basée sur le concept de sensibilité sélective (Cogan [12], Ayer [2]), permet la réduction tout en préservant des propriétés topologiques du modèle.

L'étude présentée dans cette partie est axée sur les méthodes utilisant une matrice de projection, du type Rayleigh-Ritz, car elles sont faciles à mettre en œuvre et sont relativement efficaces en terme de précision et de coût opératoire. L'exemple classique

est la matrice de projection composée des modes du modèle initial. Pour les structures industrielles, la matrice modale comporte beaucoup plus de ddl que de modes, c'est l'effet de la troncature modale (Elliott [17]) : dans la bande spectrale d'intérêt, en général seuls les premiers modes propres sont recherchés, les autres restent inconnus et leur contribution négligée. Mais ce qui peut paraître négligeable par exemple lors de calculs de réponses par superposition modale, l'est beaucoup moins dans les applications de prédiction avec modèles réduits, car l'espace de représentation des seuls modes identifiés est insuffisant. Idéalement, on souhaite inclure le plus de modes possible dans la base de Ritz, augmentant certes ainsi la taille du système réduit mais aussi améliorant son pouvoir de représentation du modèle initial. L'évaluation de modes supplémentaires situés hors de la bande d'intérêt est cependant peu réaliste. C'est pourquoi les études ont plutôt porté sur la manière de connaître globalement l'influence des modes inconnus et donc de remédier à l'absence d'informations à leur sujet dans la base de Ritz (Brinkman [7]).

Dans cette optique, Rubin ([39]) tient compte des effets résiduels de l'ensemble des modes négligés en se basant sur la méthode MacNeal ([32]) de calcul des contributions statiques ou résidus en flexibilité. D'autres auteurs proposent d'intégrer des termes résiduels dans l'expression du système réduit tout en obtenant un problème dont la taille est indépendante du nombre de vecteurs résiduels (Sohaney [42]). Car un autre écueil surgit suite à l'enrichissement de la base modale initiale par des résidus statiques : la base de Ritz obtenue est-elle nécessairement de rang maximal ? La détermination d'une base de projection optimale, au sens de l'orthogonalité de ses colonnes, est possible par l'intermédiaire d'une décomposition en valeurs singulières (Cogan [13], Balmès [3]).

Pratiquement, l'apport des résidus statiques dans une procédure de réanalyse approchée a un effet très positif sur la précision des solutions propres du système modifié, comme par exemple le montre Hall ([22]) en mécanique des fluides. Dans Ennaïme ([19]), c'est le cas particulier de la modification massique pure qui est évoqué ainsi que l'introduction de résidus dynamiques. Enfin, dans le domaine d'intérêt de ce mémoire, **le recalage**, une procédure originale de formulation de vecteurs résiduels est proposée (Cogan [11]) et fait l'objet de développements détaillés dans les paragraphes suivants du premier chapitre.

Alors que le deuxième chapitre est consacré à des applications numériques sur des structures industrielles, le troisième chapitre, plus court, revient à des aspects théo-

riques en relation directe avec les résultats donnés par une réanalyse. Le problème consiste à évaluer la précision des solutions propres approchées.

Il serait en effet intéressant de posséder un critère de qualité des solutions approchées afin de décider à partir de quel moment, ou pour quelle perturbation, on doit se résoudre à utiliser une réanalyse exacte. Un tel critère a déjà été formulé dans le cas d'une base modale tronquée pour évaluer des bornes inférieures et supérieures sur les valeurs propres approchées (Ram [37], Paige [34], Sun [43], Jennings [26]). La plupart de ces travaux reposent sur la définition des intervalles optimaux de Lehmann ([30]). De même, d'autres travaux exploitent des estimations d'angles entre des sous-espaces pour borner l'erreur sur les vecteurs propres (Ram [38], Wedin [46]). Malheureusement, les procédures proposées sont très coûteuses à mettre en œuvre, voire plus longues qu'une réanalyse exacte du modèle perturbé, et leur extension à une base de Ritz enrichie n'est pas évidente. Partant de la théorie de la perturbation des problèmes aux valeurs propres (Saad [40], Horn [24]), les développements présentés dans ce mémoire consistent à rechercher une extension pour les problèmes généralisés et à borner simplement l'erreur maximale commise sur les valeurs propres par une approche a posteriori.

Chapitre 1

Algorithmes de réanalyse approchée

1.1 Définitions communes

Les différentes méthodes de réanalyse approchée présentées dans ce mémoire évoluent dans un contexte de mécanique appliquée à usage industriel et sont caractérisées par un certain nombre de points communs portant aussi bien sur la définition des données initiales que sur les conditions pratiques d'application. A ce titre, il est naturel de commencer par donner les définitions générales et les formulations mathématiques qui vont être employées dans les sections suivantes.

1.1.1 Hypothèses générales

Dans toute la suite de cette partie, nous considérons que la structure mécanique éléments finis étudiée est linéaire, conservative, auto-adjointe. Son comportement dynamique est donné par le système de taille N suivant :

$$(K - \omega^2 M) y = f \quad (\text{I.1.1})$$

où $K \in \mathbb{R}^{N,N}$ est la matrice de raideur, symétrique et définie non négative, $M \in \mathbb{R}^{N,N}$ la matrice de masse, symétrique et définie positive, $f \in \mathbb{R}^{N,1}$ le vecteur des entrées (forces excitatrices harmoniques), $y \in \mathbb{R}^{N,1}$ le vecteur des sorties (déplacements), et $\omega \in \mathbb{R}$ la pulsation d'excitation.

Le système homogène associé, correspondant en régime libre à $f = 0$, est décrit par le problème aux valeurs propres généralisé suivant :

$$(K - \lambda_\nu M) y_\nu = 0 \quad \nu = 1(1)N \quad (\text{I.1.2})$$

D'après les hypothèses sur K et M , ce problème admet N valeurs propres λ positives ou nulles et N vecteurs propres réels y . Les valeurs propres sont logiquement regroupées dans la matrice spectrale diagonale $\Lambda = \text{diag}(\lambda_\nu) \in \mathbb{R}^{N,N}$, et les vecteurs propres dans la matrice modale $Y = [y_1 \dots y_\nu \dots y_N] \in \mathbb{R}^{N,N}$, afin de réécrire I.1.2 sous la forme compacte :

$$KY = MY\Lambda \quad (\text{I.1.3})$$

On suppose que les vecteurs propres sont normés par rapport à la matrice de masse M de sorte que la matrice de masse généralisée $Y^T M Y$ soit la matrice identité. Par conséquent, les relations d'orthonormalité suivantes sont satisfaites :

$$Y^T M Y = I_N \quad ; \quad Y^T K Y = \Lambda \quad (\text{I.1.4})$$

1.1.2 Troncature modale

Comme il est dit en introduction, la matrice modale Y complète est rarement connue. Dans la suite, on suppose que seules les m premières colonnes de Y sont disponibles, correspondant aux m plus basses fréquences propres. En découpant Y et Λ en sous-matrices, on définit :

$$Y = \begin{bmatrix} Y_1 & Y_2 \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.5})$$

$$\Lambda = \begin{bmatrix} \Lambda_1 & 0 \\ 0 & \Lambda_2 \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.6})$$

où $Y_1 \in \mathbb{R}^{N,m}$ représente la matrice modale tronquée et $\Lambda_1 \in \mathbb{R}^{m,m}$ la matrice spectrale tronquée, tandis que $Y_2 \in \mathbb{R}^{N,N-m}$, $\Lambda_2 \in \mathbb{R}^{N-m,N-m}$ désignent les sous-matrices inconnues, non calculées, complémentaires à Y_1 et Λ_1 .

La bande spectrale d'analyse, celle qui contient les informations modales connues et qui présente en général le plus d'intérêt en dynamique des structures, est alors définie par l'intervalle :

$$\mathbb{I}_s = [0, \lambda_m] \quad (\text{I.1.7})$$

1.1.3 Flexibilité dynamique

La relation I.1.1 entre les entrées et les sorties peut également être écrite sous une forme faisant apparaître la matrice de raideur dynamique Z de la structure :

$$Z(\omega) y = f \quad (\text{I.1.8})$$

Dans le cadre d'une approche expérimentale, on a plutôt accès à une relation de comportement donnant la valeur des déplacements en fonction des forces appliquées :

$$y = \Gamma(\omega) f \quad (\text{I.1.9})$$

avec

$$\Gamma(\omega) = (K - \omega^2 M)^{-1} = Z(\omega)^{-1} \quad (\text{I.1.10})$$

où $\Gamma(\omega)$ désigne la matrice de flexibilité dynamique, ou matrice de souplesse dynamique, de la structure.

Notons que l'inversion de $Z(\omega)$ n'est mathématiquement possible que si $Z(\omega)$ n'est pas singulière, c'est-à-dire si $\omega \neq \lambda_\nu \forall \nu = 1(1)N$. Une excitation sinusoïdale à une fréquence très proche ou égale à une des fréquences propres de la structure générerait d'après I.1.9 un déplacement infini.

Si une évaluation de $\Gamma(\omega)$ est requise, l'égalité I.1.10 est lourde à utiliser. Une autre expression de $\Gamma(\omega)$, fonction de Y, Λ, ω , peut être dérivée de la relation I.1.1. En ayant à l'esprit que Y est une matrice carrée de rang N , on peut définir la transformation qui projette y sur la base Y :

$$y = Yc \quad (\text{I.1.11})$$

où c est un vecteur de coordonnées généralisées. En remplaçant dans l'expression I.1.1 et en multipliant les termes de droite et de gauche par Y^T , on aboutit à :

$$Y^T (K - \omega^2 M) Yc = Y^T f \quad (\text{I.1.12})$$

puis on exploite les relations d'orthonormalité I.1.4, d'où :

$$(\Lambda - \omega^2 I_N) c = Y^T f \quad (\text{I.1.13})$$

si ω n'est pas une pulsation propre du système homogène, on a :

$$c = (\Lambda - \omega^2 I_N)^{-1} Y^T f \quad (\text{I.1.14})$$

ou encore :

$$y = Y (\Lambda - \omega^2 I_N)^{-1} Y^T f = \Gamma(\omega) f \quad (\text{I.1.15})$$

Avec cette expression, l'évaluation de $\Gamma(\omega)$ ne nécessite plus que l'inversion d'une matrice diagonale, ce qui est immédiat, et deux produits par Y et Y^T .

Le découpage de Y et Λ précédemment introduit permet de mettre en évidence la contribution des solutions propres connues et inconnues dans $\Gamma(\omega)$:

$$\Gamma(\omega) = Y_1 (\Lambda_1 - \omega^2 I_m)^{-1} Y_1^T + Y_2 (\Lambda_2 - \omega^2 I_{N-m})^{-1} Y_2^T \quad (\text{I.1.16})$$

La deuxième partie du terme de droite est par hypothèse non calculables. On peut maintenant faire une autre hypothèse à propos de la contribution des modes de Y_2 afin de formuler la flexibilité dynamique sous une forme approchée. Supposons que la contribution massique des modes de Y_2 a peu d'influence à l'intérieur de la bande d'analyse \mathbb{I}_s , autrement dit que les modes de Y_2 contribuent principalement en termes de raideur dans \mathbb{I}_s . Alors si $\omega^2 \in \mathbb{I}_s$, l'expression de $\Gamma(\omega)$ se réduit à :

$$\Gamma(\omega) \cong Y_1 (\Lambda_1 - \omega^2 I_m)^{-1} Y_1^T + R \quad (\text{I.1.17})$$

$$R = Y_2 \Lambda_2^{-1} Y_2^T \quad (\text{I.1.18})$$

ce qui a l'avantage de faire apparaître la contribution statique $R \in \mathbb{R}^{N,N}$ des modes propres de Y_2 en terme de souplesse dynamique. Ce développement est à la base de la procédure décrite dans la section 1.4.

1.1.4 Formulation des matrices modifiées

Malgré la fiabilité et les progrès constant de la caractérisation dynamique, la modélisation reste une approche mathématique de la structure réelle, il faut donc être en mesure de la modifier avec le moins de contraintes possibles sans devoir recommencer le cycle de conception depuis le début. C'est là qu'intervient la notion de variables de "design", ou paramètres de conception. Soit n_p le nombre de ces paramètres. Agissant sur le modèle de la structure, ils en contrôlent le comportement dynamique et gouvernent les valeurs des solutions propres du système homogène.

On distingue deux ensembles de paramètres : les paramètres k_i , $i = 1(1)n_k$, qui agissent sur la raideur, et les paramètres m_j , $j = 1(1)n_m$, qui agissent sur la masse, on a donc $n_p = n_k + n_m$.

Les paramètres ne représentent pas directement une entité physique de la structure, c'est-à-dire ils ne codent pas explicitement une caractéristique de la géométrie ou des matériaux. Ils sont de plus adimensionnels afin de permettre des variations relatives par rapport à l'état initial. Alors que le modèle éléments finis initial, représenté par ses matrices K, M est défini par $k_i = m_j = 1$, toutes autres valeurs des paramètres

définissent un modèle distinct représenté par les matrices $\hat{K}, \hat{M} \in \mathbb{R}^{N,N}$ telles que :

$$\hat{K}(k_i) = K + \Delta K(k_i) \quad (\text{I.1.19})$$

$$\hat{M}(m_j) = M + \Delta M(m_j) \quad (\text{I.1.20})$$

Les modifications introduites par les matrices de perturbation $\Delta K, \Delta M$ n'altèrent donc pas l'ordre du système, autrement dit aucun ddl n'est ajouté ni enlevé.

En pratique, les modifications paramétriques n'interviennent pas sur les caractéristiques statiques et massiques de tous les éléments finis de la structure à la fois, le nombre de paramètres de conception impliqués serait dans ce cas énorme. De plus, on ne souhaite corriger le modèle initial que ponctuellement, dans des zones plus ou moins larges de la structure où la raideur est incertaine ou la masse mal connue. C'est pourquoi on définit des ensembles d'éléments, ou macro-éléments, appelés à subir les corrections nécessaires pour, espère-t-on, aboutir à un modèle plus proche des conditions réelles du comportement vibratoire de la structure. Chaque macro-élément regroupe des éléments de même type, c'est-à-dire ayant la même loi de comportement, et de même matériau, afin qu'une variation paramétrique donnée, par exemple un changement d'épaisseur ou de moment quadratique de section, puisse être appliquée sans distinction sur tout le macro-élément.

Soit n_{mac} le nombre de macro-éléments, et soient $\alpha(k_i)$ et $\beta(m_j)$ des variables adimensionnelles intermédiaires telles que pour $\alpha(k_i) = \beta(m_j) = 1$ on obtient le modèle initial. Les matrices de correction $\Delta K, \Delta M$ peuvent être exprimées sous la forme d'une combinaison linéaire de matrices macro-élémentaires :

$$\Delta K(k_i) = \sum_{h=1}^{n_{mac}} (\alpha_h(k_i) - 1) K_h \quad i = 1(1)n_k \quad (\text{I.1.21})$$

$$\Delta M(m_j) = \sum_{h=1}^{n_{mac}} (\beta_h(m_j) - 1) M_h \quad j = 1(1)n_m \quad (\text{I.1.22})$$

où $K_h, M_h \in \mathbb{R}^{N,N}$ sont obtenues en assemblant les matrices élémentaires de chaque élément du macro-élément h . Au même titre que K, M , les matrices K_h, M_h dépendent du maillage adopté pour modéliser la structure, mais elles ont l'avantage d'être très creuses.

En général, l'influence des paramètres sur les matrices de correction est non linéaire. Cependant pour certains tels que le module d'Young ou la masse volumique, la dépendance est linéaire. Dans ce cas, dans I.1.21 et I.1.22 on peut utiliser directement $\alpha_h(k_i) = k_i$ et $\beta_h(m_j) = m_j$.

1.1.5 Système modifié

Étant données les définitions précédentes sur les matrices de correction, on peut maintenant présenter le problème aux valeurs propres d'ordre N du système modifié :

$$\left[(K + \Delta K) - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} (M + \Delta M) \right] \tilde{y}_\nu^{ex} = 0 \quad (\text{I.1.23})$$

où $\tilde{\lambda}_\nu^{ex}, \tilde{y}_\nu^{ex}, \nu = 1(1)N$ sont respectivement les valeurs propres et vecteurs propres exacts. Ces solutions, tant recherchées, ne sont malheureusement accessibles que par l'intermédiaire d'une résolution exacte du problème I.1.23.

Le recours à une réanalyse exacte est, rappelons le, très coûteux en temps de calcul et en nombre d'opérations en virgule flottante, c'est une éventualité presque inacceptable si le nombre de réanalyses à effectuer est important, par exemple dans le cadre d'une optimisation de structure. Les formulations de réanalyse approchée qui sont décrites dans les paragraphes suivants sont basées aussi sur la résolution exacte d'un problème aux valeurs propres, mais de taille très inférieure à N , et fournissent à des degrés divers un compromis intéressant entre la précision et le coût.

1.2 Approche classique de Rayleigh-Ritz

La procédure de Rayleigh-Ritz est une méthode de projection couramment utilisée pour calculer de façon approchée les solutions propres de grandes matrices. L'hypothèse de base, pour les prédictions faites avec ce type de méthode, est de dire que la réponse du système modifié peut toujours être correctement représentée en utilisant une projection sur le sous-espace des modes de basse fréquence du système initial. La connaissance d'une base de modes tronquée fournit donc naturellement une définition de la matrice de projection.

1.2.1 Formulation du système réduit

Pour commencer, projetons le vecteur propre \tilde{y}_ν^{ex} sur la base Y exprimée en fonction de la troncature modale :

$$\tilde{y}_\nu^{ex} = Y c_\nu \quad (\text{I.1.24})$$

$$= Y_1 c_{1\nu} + Y_2 c_{2\nu} \quad (\text{I.1.25})$$

où $c_{1\nu} \in \mathbb{R}^{m,1}$ et $c_{2\nu} \in \mathbb{R}^{N-m,1}$ sont des vecteurs de coordonnées généralisées. La matrice Y étant carrée et non singulière, elle peut servir à définir une transformation

d'équivalence et à obtenir un problème congruent à I.1.23. Ce qui, en reportant I.1.25 dans I.1.23, s'exprime de la façon suivante :

$$\begin{bmatrix} Y_1^T \\ Y_2^T \end{bmatrix} \left[(K + \Delta K) - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} (M + \Delta M) \right] \begin{bmatrix} Y_1 & Y_2 \end{bmatrix} c_\nu = 0 \quad (\text{I.1.26})$$

En développant et en utilisant les relations d'orthonormalité I.1.4, on obtient :

$$\begin{bmatrix} \Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} (I_m + Y_1^T \Delta M Y_1) \end{bmatrix} c_{1\nu} + \dots \quad (\text{I.1.27})$$

$$\begin{bmatrix} Y_1^T \Delta K Y_2 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} Y_1^T \Delta M Y_2 \end{bmatrix} c_{2\nu} = 0$$

$$\begin{bmatrix} Y_2^T \Delta K Y_1 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} Y_2^T \Delta M Y_1 \end{bmatrix} c_{1\nu} + \dots \quad (\text{I.1.28})$$

$$\begin{bmatrix} \Lambda_2 + Y_2^T \Delta K Y_2 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} (I_{N-m} + Y_2^T \Delta M Y_2) \end{bmatrix} c_{2\nu} = 0$$

Notons que si tous les modes de Y étaient connus, les équations I.1.23 et I.1.26 décriraient exactement les mêmes réponses dans deux systèmes de coordonnées, les ddl \tilde{y}^{ex} pour l'une et les ddl c pour l'autre. Mais étant donné que par hypothèse Y_2 est inconnue, certaines approximations sont nécessaires pour poursuivre sur la voie du problème I.1.26. D'une part on ne considère plus l'équation I.1.28, d'autre part on suppose que dans I.1.27 l'inégalité suivante est satisfaite :

$$\left\| \Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} (I_m + Y_1^T \Delta M Y_1) \right\| \gg \left\| Y_1^T \Delta K Y_2 - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} Y_1^T \Delta M Y_2 \right\| \quad (\text{I.1.29})$$

L'équation I.1.27 peut alors être réécrite :

$$\left[(\Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1) - \tilde{\lambda}_\nu (I_m + Y_1^T \Delta M Y_1) \right] c_{1\nu} = 0 \quad (\text{I.1.30})$$

ou bien

$$\left(\tilde{K} - \tilde{\lambda}_\nu \tilde{M} \right) c_{1\nu} = 0 \quad (\text{I.1.31})$$

Ce problème d'ordre m est résolu de façon exacte. Les vecteurs propres $c_{1\nu}$ sont normalisés de telle sorte qu'ils vérifient $c_{1\nu}^T \tilde{M} c_{1\nu} = 1$. Finalement une expansion permet de revenir aux ddl physiques et de déterminer des solutions propres approchées $\tilde{\lambda}_\nu$, $\tilde{y}_\nu = Y_1 c_{1\nu}$, $\nu = 1(1)m$, pour le système modifié.

Il est à noter que les matrices K et M n'apparaissant pas explicitement dans le problème réduit, on n'a pas besoin de les connaître. La méthode de Ritz peut donc être également utilisée avec des données modales expérimentales, quand les matrices de raideur et de masse sont incertaines ou impossibles à déterminer.

1.2.2 Bornes supérieures sur les valeurs propres exactes

Bien que la distance entre les valeurs propres approchées $\tilde{\lambda}_\nu$ et les valeurs exactes correspondantes $\tilde{\lambda}_\nu^{ex}$ ne soit pas estimable, il est néanmoins possible d'apporter un supplément d'information quant à leur position respective dans l'échelle des fréquences. Rappelons d'abord le contenu du théorème d'inclusion, ou d'entrelacement, des matrices.

Théorème 1 Soit $A \in \mathbb{R}^{N,N}$ une matrice symétrique, hermitienne, découpée de la façon suivante :

$$A = \begin{bmatrix} A_1 & A_2 \\ A_2^T & A_4 \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.32})$$

où $A_1 \in \mathbb{R}^{m,m}$, et soient $\lambda_i(A)$ et $\lambda_i(A_1)$ respectivement les valeurs propres de A et de A_1 , alors :

$$\lambda_i(A) \leq \lambda_i(A_1) \leq \lambda_{i+N-m}(A) \quad i = 1(1)m \quad (\text{I.1.33})$$

En réécrivant le système d'équations I.1.27 et I.1.28 sous une forme légèrement différente :

$$\left(\begin{bmatrix} \Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1 & Y_1^T \Delta K Y_2 \\ Y_2^T \Delta K Y_1 & \Lambda_2 + Y_2^T \Delta K Y_2 \end{bmatrix} - \dots \right. \\ \left. \tilde{\lambda}_\nu^{ex} \begin{bmatrix} I_m + Y_1^T \Delta M Y_1 & Y_1^T \Delta M Y_2 \\ Y_2^T \Delta M Y_1 & I_{N-m} + Y_2^T \Delta M Y_2 \end{bmatrix} \right) c = 0 \quad (\text{I.1.34})$$

et en étendant le théorème d'inclusion aux problèmes généralisés, on retrouve le fait connu que les valeurs propres de Ritz constituent des bornes supérieures pour les valeurs propres du modèle modifié exact. La partie droite de l'inégalité I.1.33 reste inexploitée car les $N - m$ plus hautes valeurs propres de Y sont inconnues, et en tout cas inexploitable car $N \gg m$.

1.2.3 Remarques à propos de la convergence de la méthode

Il est clair que la méthode de Rayleigh-Ritz limite les vecteurs propres du système modifié dans le sous-espace de vecteurs formé par les colonnes de Y_1 . Si les déplacements engendrés par la perturbation ne sont pas orthogonaux aux modes inconnus de Y_2 , alors ceux-ci participent à la réponse, et donc les nouvelles solutions propres sont approchées. Réciproquement, le modèle réduit formulé par l'équation I.1.30 donne des prédictions exactes si les solutions peuvent être représentées par des combinaisons linéaires des colonnes de la base de réduction Y_1 .

En général, pour les petites modifications, les modes de plus basse fréquence de Y forment une bonne base de Ritz. Cette procédure de réduction conduit alors à un gain

très appréciable de temps de calcul. Mais dès que le modèle initial change de façon significative, le pouvoir de prédiction du modèle réanalysé se dégrade, les solutions propres approchées s'éloignent des solutions exactes. A moins de retenir un nombre prohibitif de modes initiaux, la convergence des solutions approchées vers leurs valeurs exactes reste faible, en pratique on observe qu'elle augmente très lentement à mesure que m augmente. De plus il est difficile de savoir a priori si la condition I.1.29 est satisfaite pour une perturbation donnée.

Ces remarques soulèvent deux questions. Quel est le contenu de la base de réduction conduisant à des résultats de meilleure qualité? Comment modifier la base de Ritz pour que l'information qu'elle contient élargisse le champ des perturbations qui conduisent à des prédictions acceptables?

1.3 Extension de la base de Ritz avec des vecteurs d'erreur

Un des avantages de la méthode de réduction de modèle par l'approche de Rayleigh-Ritz est qu'elle garde le même formalisme quel que soit le contenu de la base de projection. Si l'approche classique avec l'utilisation de la base modale tronquée Y_1 ne permet pas d'obtenir une précision satisfaisante, alors une amélioration naturelle est d'introduire d'autres vecteurs dans la base de Ritz. Bien que cette idée ait pour conséquence la résolution d'un problème réduit de taille plus grande, l'ajout de vecteurs indépendants judicieusement choisis dans la base de Ritz apporte de l'information et contribue à mieux représenter l'espace vectoriel des vecteurs propres exacts.

Une stratégie possible, développée dans les paragraphes qui suivent, consiste à calculer une erreur de représentation introduite quand on projette sur les modes tronqués, et à s'en servir pour compléter la base de Ritz.

1.3.1 Calcul des vecteurs d'erreur

Une façon assez évidente pour caractériser l'erreur amenée par l'approche de Rayleigh-Ritz est de définir le résidu modal $\delta y_\nu = \tilde{y}_\nu^{ex} - Y_1 c_{1\nu}$. Cette quantité renseigne sur le sous-espace vectoriel qui a manqué pour représenter correctement les solutions exactes du système modifié. La condition nécessaire pour l'évaluer est de posséder un ensemble de vecteurs propres exacts dont on pense qu'il constituera un bon sous-espace de projection

pour la plupart des perturbations rencontrées. La procédure proposée ici est de calculer les vecteurs résiduels associés à une perturbation donnée, et surtout de le faire pour chaque macro-élément indépendamment des autres afin de collecter plus d'information sur le sous-espace couvert par la perturbation.

Soient deux vecteurs de paramètres, \bar{k} agissant sur la raideur et \bar{m} agissant sur la masse, choisis a priori pour leur capacité représentative au sein de l'ensemble des conceptions possibles de la structure. Il s'agit maintenant, pour chaque macro-élément h , d'estimer de façon exacte les r_h solutions propres ($r_h \ll N$) de l'équation :

$$\left[(K + \Delta K (\bar{k})_h) - \tilde{\lambda}_{h\nu}^{ex} (M + \Delta M (\bar{m})_h) \right] \tilde{y}_{h\nu}^{ex} = 0 \quad h = 1(1)n_{mac} \quad (\text{I.1.35})$$

puis de regrouper les vecteurs $\tilde{y}_{h\nu}^{ex}$ dans les matrices modales :

$$\tilde{Y}_h \in \mathbb{R}^{N, r_h}, h = 1(1)n_{mac} \quad (\text{I.1.36})$$

Les vecteurs correspondant à l'erreur modale commise par rapport à la base du modèle initial s'expriment sous la forme :

$$\delta Y_h = \tilde{Y}_h - Y_1 Y_1^\dagger \tilde{Y}_h \quad h = 1(1)n_{mac} \quad (\text{I.1.37})$$

dans laquelle les colonnes de δY_h sont orthogonales à celles de Y_1 , car :

$$Y_1^T \delta Y_h = Y_1^T \tilde{Y}_h - Y_1^T Y_1 (Y_1^T Y_1)^{-1} Y_1^T \tilde{Y}_h = 0 \quad (\text{I.1.38})$$

1.3.2 Formulation du nouveau système réduit

L'assemblage des matrices δY_h donne la base suivante :

$$\delta Y = \begin{bmatrix} \delta Y_1 & \dots & \delta Y_{n_{mac}} \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.39})$$

On définit la nouvelle base de Ritz P en concaténant Y_1 avec δY :

$$P = \begin{bmatrix} Y_1 & \delta Y \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^{N, m+r}, \quad r = r_h \times n_{mac} \quad (\text{I.1.40})$$

En projetant les vecteurs propres de la structure modifiée sur P , on obtient une description réduite approchée des ddl du modèle à estimer :

$$\tilde{y}_\nu^{ex} \cong P g_\nu \quad (\text{I.1.41})$$

Celle-ci peut alors être substituée dans l'équation I.1.23. En multipliant à gauche l'expression par P^T , il en résulte un problème aux valeurs propres réduit d'ordre $m+r$ et symétrique :

$$P^T \left[(K + \Delta K) - \tilde{\lambda}_\nu (M + \Delta M) \right] P g_\nu = 0 \quad (\text{I.1.42})$$

c'est-à-dire

$$\left(\tilde{K} - \tilde{\lambda}_\nu \tilde{M} \right) g_\nu = 0 \quad (\text{I.1.43})$$

où les matrices réduites de raideur et de masse sont explicitement données par :

$$\tilde{K} = \begin{bmatrix} \Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1 & Y_1^T \Delta K \delta Y \\ \delta Y^T \Delta K Y_1 & \delta Y^T (K + \Delta K) \delta Y \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.44})$$

$$\tilde{M} = \begin{bmatrix} I_m + Y_1^T \Delta M Y_1 & Y_1^T \Delta M \delta Y \\ \delta Y^T \Delta M Y_1 & \delta Y^T (M + \Delta M) \delta Y \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.45})$$

Les vecteurs propres g_ν sont normalisés tels que $g_\nu^T \tilde{M} g_\nu = 1$.

1.3.3 Quelques observations

Une première remarque est de dire qu'une base de Ritz telle que définie par P entraîne forcément une amélioration de la précision en fréquence, les valeurs propres approchées sont plus proches des valeurs exactes avec la présence des vecteurs d'erreur que sans, en vertu du théorème d'inclusion cité précédemment. Par ailleurs, l'évolution des vecteurs propres approchés ne suit pas systématiquement la même tendance, mais quoi qu'il en soit, δY apporte un élargissement de la connaissance du sous-espace de \mathbb{R}^N dans lequel évoluent les modèles modifiés.

Quantitativement, avec cette stratégie, l'amélioration générale de la réanalyse dépend des valeurs des paramètres de correction du modèle. Elle est très significative pour le modèle modifié défini par la sélection de paramètres qui a servi à évaluer les vecteurs d'erreur modale, ou défini par des paramètres dans le voisinage de ceux-ci. Mais à mesure qu'on s'en éloigne, on s'attend logiquement à observer une diminution de l'aptitude de la base P à rendre compte du comportement de la structure modifiée.

Un inconvénient de cette technique d'enrichissement de la base de Ritz réside dans le fait qu'il n'y a aucune certitude sur l'orthogonalité des colonnes de l'extension δY . En pratique, il est nécessaire de s'assurer qu'on n'y inclut que des vecteurs orthogonaux afin d'avoir une base de projection optimale et en conséquence d'économiser sur la taille du système réduit à résoudre. Généralement, pour obtenir une sous-base de vecteurs linéairement indépendants, on accomplit une décomposition en valeurs singulières. Cette opération, détaillée dans l'annexe A, est adoptée d'emblée dans la stratégie présentée dans la section suivante.

Finalement, la procédure de calcul des résidus modaux est coûteuse à mettre en œuvre car elle demande une série d’analyses exactes sur des problèmes de taille maximale. Selon le nombre total de ddl et le nombre de macro-éléments subissant une perturbation, cette étape peut s’avérer difficile à surmonter.

1.4 Extension de la base de Ritz avec des vecteurs de résidus statiques

L’objectif est toujours de compléter le plus efficacement possible la base modale tronquée par des vecteurs susceptibles de renforcer la qualité de la représentation des solutions propres exactes du système modifié en coordonnées généralisées. De plus, la recherche d’un bon compromis entre la précision de la réanalyse et son coût en opérations reste une exigence fondamentale dans le cadre d’une application aux grandes structures.

Dans la stratégie développée ci-après, l’idée est de générer une base de taille minimale approximant l’effet statique des modes négligés. Le calcul requiert la résolution d’un problème statique de taille N afin d’avoir des déplacements approchés sur tous les ddl de la structure. Puis, en soustrayant la contribution dynamique des modes connus, on obtient une approximation de l’effet des modes inconnus sous une forme résiduelle.

1.4.1 Justification de la procédure

Une des motivations essentielles de la procédure proposée repose sur l’interprétation de la perturbation imposée au système initial. En effet, l’équation I.1.23 peut être écrite sous la forme :

$$\left(K - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} M \right) \tilde{y}_\nu^{ex} = - \left(\Delta K - \tilde{\lambda}_\nu^{ex} \Delta M \right) \tilde{y}_\nu^{ex} \quad (\text{I.1.46})$$

$$= f_m \quad (\text{I.1.47})$$

où l’on fait apparaître les forces f_m dues aux modifications paramétriques. Comme il a été remarqué dans le paragraphe 1.1.4, les matrices ΔK et ΔM sont en général très creuses, par conséquent f_m contient aussi un grand nombre de composantes nulles. Plus précisément, les composantes non nulles de f_m correspondent aux ddl impliqués dans les modifications.

Si on considère maintenant non plus le système modifié en vibrations libres, mais

le système modifié soumis à une excitation externe f_e de pulsation ω , le comportement dynamique peut s'écrire au moyen de la matrice de flexibilité :

$$y(\omega) = \Gamma(\omega)(f_e + f_m) = \Gamma(\omega)f \quad (\text{I.1.48})$$

En substituant $\Gamma(\omega)$ par son expression, obtenue dans le paragraphe 1.1.3, faisant apparaître la troncature modale et la matrice R de contribution en flexibilité des modes inconnus, on a alors :

$$y(\omega) \cong \left[Y_1 (\Lambda_1 - \omega^2 I_m)^{-1} Y_1^T + R \right] f \quad (\text{I.1.49})$$

et il est évident que dans le produit matriciel Rf , seules les colonnes de R multipliant les termes non nuls de f sont réellement impliquées dans le calcul, les autres colonnes sont implicitement exclues.

Cette observation suggère qu'on n'a pas besoin d'évaluer la matrice complète R , et qu'en construisant une base de vecteurs de force adéquate, on peut extraire un ensemble minimal de déplacements résiduels couvrant le sous-espace des réponses statiques dues aux modes inconnus et générées par les forces de perturbation. On évite ainsi de calculer les résidus par l'emploi de forces unité correspondant successivement à chaque ddl affecté par les modifications, technique rapidement impraticable avec les gros modèles industriels.

1.4.2 Évaluation d'une base de vecteurs de force indépendants

Le but est d'obtenir une représentation des forces internes qui ont fait passer le modèle éléments finis de l'état initial à l'état modifié. Comme précédemment avec la stratégie d'extension de la base de Ritz avec des vecteurs d'erreur, on propose de procéder macro-élément par macro-élément (du moins on ne considère que les macro-éléments sur lesquels est imposée une modification paramétrique), afin d'étendre le domaine d'efficacité de la base de projection en terme d'éventuelles variations indépendantes des paramètres.

Construisons donc, pour chaque macro-élément, une base de forces statiques et une base de forces massiques à partir de la seule matrice modale connue :

$$F_h^K = K_h Y_1 \quad (\text{I.1.50})$$

$$F_h^M = M_h Y_1 \quad h = 1(1)n_{mac} \quad (\text{I.1.51})$$

où $K_h, M_h \in \mathbb{R}^{N,N}$ sont obtenues, rappelons le, en assemblant les matrices élémentaires de chaque élément du macro-élément h .

Étant donné que les colonnes de F_h^K et F_h^M ne sont pas nécessairement linéairement indépendantes, on choisit de leur faire subir un contrôle d'orthogonalité afin de déterminer une sous-base de rang maximal. Cette opération s'effectue à l'aide d'une décomposition en valeurs singulières (voir les détails pratiques en annexe A). Prenons le cas de F_h^K , sa décomposition aboutit à :

$$F_h^K = V \Sigma W^T \quad (\text{I.1.52})$$

avec $V \in \mathbb{R}^{N,N}$ et $W \in \mathbb{R}^{m,m}$ matrices orthogonales, et $\Sigma \in \mathbb{R}^{N,m}$ matrice diagonale dont les termes diagonaux $\sigma_{ii}, i = 1(1)m$, sont les valeurs singulières de F_h^K . Un filtrage des σ_{ii} basé sur un nombre de conditionnement maximum permet de ne retenir que les $s \leq m$ colonnes de W correspondant aux s plus grandes valeurs singulières, on définit ainsi $W^* \in \mathbb{R}^{m,s}$. Finalement, un moyen simple d'avoir une sous-base de forces orthogonales est d'écrire :

$$F_h^{K*} = F_h^K W^* \quad (\text{I.1.53})$$

Les bases de vecteurs décomposés F_h^{K*} et F_h^{M*} , obtenues respectivement à partir de F_h^K et F_h^M pour chaque macro-élément, sont ensuite regroupées dans une seule matrice :

$$F = \begin{bmatrix} F_1^{K*} & F_1^{M*} & \dots & F_{n_{mac}}^{K*} & F_{n_{mac}}^{M*} \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^{N,r} \quad (\text{I.1.54})$$

où l'on note par r le nombre final de colonnes de F .

1.4.3 Calcul de la solution statique

La détermination des déplacements X correspondant aux forces F calculées précédemment passe par la résolution du système de N équations d'équilibre :

$$KX = F \quad (\text{I.1.55})$$

Il est intéressant de noter que le calcul de K^{-1} n'est pas nécessaire. En effet, la matrice de raideur initiale peut être donnée sous sa forme décomposée par la factorisation de Cholesky (Imbert [25]) :

$$K = K_c^T K_c \quad (\text{I.1.56})$$

où $K_c \in \mathbb{R}^{N,N}$ est une matrice triangulaire supérieure. Dans ce cas, l'évaluation de X s'effectue avantageusement à l'aide d'une résolution de deux systèmes à matrice

triangulaire en substituant le résultat de l'un dans le second terme de l'autre, de la façon suivante :

$$K_c^T X_o = F \quad (\text{I.1.57})$$

$$K_c X = X_o \quad (\text{I.1.58})$$

Cependant une question importante est posée avant même de songer à résoudre l'équation I.1.55 : la structure possède-t-elle des modes de corps rigide ?

Si la réponse est non, K est définie positive, la décomposition de Cholesky est possible, et il n'y a pas d'autres opérations spécifiques à faire à part trouver la solution d'un banal problème statique. Il n'est alors pas nécessaire d'exécuter les étapes de calcul reproduites dans le paragraphe 1.4.4.

Si la réponse est oui, K est seulement définie non négative, la décomposition de Cholesky est donc impossible, et il est très probable que I.1.55 ne puisse pas être résolue. Les lignes qui suivent tentent d'apporter des solutions adaptées à cette situation.

1.4.4 Traitement des modes de corps rigide

Il convient donc de rechercher un moyen de contraindre temporairement la structure pour l'empêcher de répondre par des déplacements rigides, tout en prenant soin de ne pas affecter son comportement élastique. Deux techniques sont disponibles pour prendre en compte les modes de corps rigide (se référer à l'annexe B pour plus de détails sur la méthodologie de chacune) : le décalage spectral et le filtrage inertiel.

Par la méthode du décalage spectral, la matrice de raideur K est remplacée par $K^d = K + \alpha M$, où α est un réel positif. L'avantage est que K^d est définie positive, et les modes de corps rigide sont maintenant associés à la valeur propre multiple α . Toutefois, les déplacements statiques d'une structure ayant K^d comme raideur ne sont pas les mêmes que ceux de la structure initiale avec K . L'intérêt de la méthode des résidus statiques s'en trouve diminué car les résultats sont différents. Ils apportent néanmoins une amélioration de la précision de la réanalyse car, comme il a déjà été dit, toute extension de la base de Ritz avec des vecteurs orthogonaux est profitable. L'effet escompté est cependant sensiblement moindre qu'avec les vrais résidus statiques, sauf si l'ordre de grandeur de K est très supérieur à celui de αM .

La méthode du filtrage inertiel, que l'on trouve dans de nombreuses publications

(Géradin [20], Balmès [3], Rubin [39]), repose sur une efficace séparation des modes de corps rigide et des modes élastiques. Soit $Y_r \in \mathbb{R}^{N,n_r}$ la matrice regroupant l'ensemble des modes de corps rigide. L'idée principale de la méthode est de dire que les forces qui sont des combinaisons linéaires des colonnes de MY_r (matrice des forces d'inertie liée aux modes de corps rigide) ne participent pas aux réponses élastiques, et qu'inversement les déplacements élastiques sont générés par des forces issues du sous-espace orthogonal à MY_r . L'application au cas du problème I.1.55 peut se résumer par les étapes suivantes.

- On peut contraindre la structure à ne pas avoir de déplacements rigides en lui imposant un ensemble de forces qui annulent les accélérations de corps rigide, sans affecter les déplacements élastiques. Appliqué à la base F , ce concept donne :

$$F_f = (I_N - MY_r M_r^{-1} Y_r^T) F = D^T F \quad (\text{I.1.59})$$

où M_r est la matrice de masse généralisée de corps rigide.

- Afin de factoriser K par la décomposition de Cholesky, une technique de condensation s'avère nécessaire pour éliminer les lignes et les colonnes de zéros. On définit une matrice booléenne $T \in \mathbb{R}^{N,N_i}$ qui projette de l'espace des N ddl dans l'espace des N_i ddl indépendants non contraints. Un K condensé, noté \bar{K} , est alors obtenu par :

$$\bar{K} = T^T K T \in \mathbb{R}^{N_i, N_i} \quad (\text{I.1.60})$$

\bar{K} est définie positive, par conséquent il existe une factorisation de \bar{K} par une matrice triangulaire.

- La structure est suffisamment contrainte pour que la résolution du problème statique puisse être effectuée. En notant \bar{X}_f les déplacements, dans l'espace de taille N_i ddl, résultant des forces projetées F_f , l'équation s'énonce ainsi :

$$\bar{K} \bar{X}_f = T^T F_f \quad (\text{I.1.61})$$

puis les déplacements sont ramenés sur tous les ddl par une expansion :

$$X_f = T \bar{X}_f \quad (\text{I.1.62})$$

- Pour finir, on effectue un filtrage afin que X_f soit exempt de toute contribution de corps rigide, ce qui revient à projeter X_f dans le sous-espace orthogonal à MY_r :

$$X = (I_N - Y_r M_r^{-1} Y_r^T M) X_f = D X_f \quad (\text{I.1.63})$$

avec $X \in \mathbb{R}^{N,r}$.

1.4.5 Estimation des modes résiduels

La connaissance de X en tant que somme des déplacements statiques, dus aux forces de perturbation et résultant de la superposition de l'ensemble des modes élastiques connus et inconnus de la structure, permet d'envisager l'estimation de la part prise par les modes élastiques inconnus en exploitant l'expression de la flexibilité à travers la troncature modale. En soustrayant la contribution des modes Y_1 , on obtient comme reste la contribution résiduelle du groupe de modes Y_2 :

$$X_R = X - Y_1 \Lambda_1^{-1} Y_1^T F \quad (\text{I.1.64})$$

où il est aisé de montrer que les colonnes de X_R sont linéairement indépendantes des modes de Y_1 .

Ensuite, la même précaution que pour la base de vecteurs de force doit être observée à propos de l'indépendance des modes résiduels, autrement dit une décomposition en valeurs singulières s'impose. Car bien que les forces générées pour le calcul des résidus soient orthogonales pour chacun des macro-éléments, il est possible qu'une perte de rang apparaisse et perturbe l'indépendance des colonnes correspondantes de X_R . L'objectif vise surtout à limiter la taille de l'extension de la base de Ritz à son strict minimum.

Le test d'indépendance des vecteurs de X_R peut se faire de deux manières : soit globalement en considérant toute la base, soit macro-élément par macro-élément en utilisant le découpage introduit par l'expression de F dans I.1.54. La première possibilité permet de retenir une base de résidus de rang maximal, tandis que la seconde fournit peut-être en définitive un plus grand nombre de résidus décomposés mais conserve la notion mise en avant lors de la création de la base de force, à savoir que dans le cas de possibles variations indépendantes des paramètres de conception, on espère étendre le domaine d'application de la base de Ritz pour une précision recherchée donnée.

On choisit de formuler la seconde variante. Soit $X_{R,h}$ la matrice de vecteurs résiduels du macro-élément h , dont la taille correspond à l'apport du macro-élément h dans I.1.54. La décomposition en valeurs singulières de $X_{R,h}$ donne :

$$X_{R,h} = V \Sigma W^T \quad (\text{I.1.65})$$

avec V et W matrices unitaires et Σ matrice diagonale contenant les valeurs singulières. En procédant de la même façon que dans le paragraphe 1.4.2 (voir aussi l'annexe A), on extrait un sous-ensemble de résidus orthogonaux X_{Rh}^* . Après itération sur tous les

macro-éléments, le regroupement des vecteurs résiduels décomposés fournit la matrice R telle que :

$$R = \begin{bmatrix} X_{R,1}^* & \dots & X_{R,n_{mac}}^* \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^{N,r} \quad (\text{I.1.66})$$

où l'on note encore par r le nombre final de modes résiduels qu'on veut conserver.

Pour finir, les colonnes de R sont normalisées par rapport à la matrice de masse M , comme les modes de Y_1 , de manière à vérifier $R_i^T M R_i = 1 \quad \forall i = 1(1)r$.

1.4.6 Formulation du nouveau système réduit

Cette fois-ci, la base enrichie de projection de Ritz se compose ainsi :

$$P = \begin{bmatrix} Y_1 & R \end{bmatrix} \in \mathbb{R}^{N,m+r} \quad (\text{I.1.67})$$

Et comme avec la précédente méthode d'extension de la base de Ritz, on exprime les vecteurs propres du système modifié comme une combinaison linéaire des colonnes de P par la relation $\tilde{y}_\nu^{ex} \cong P g_\nu$. En substituant dans I.1.23 et en multipliant à gauche par P^T , on aboutit au problème aux valeurs propres de taille $m + r$:

$$\left(\tilde{K} - \tilde{\lambda}_\nu \tilde{M} \right) g_\nu = 0 \quad (\text{I.1.68})$$

où les matrices réduites de raideur et de masse sont égales à :

$$\tilde{K} = \begin{bmatrix} \Lambda_1 + Y_1^T \Delta K Y_1 & Y_1^T \Delta K R \\ R^T \Delta K Y_1 & R^T (K + \Delta K) R \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.69})$$

$$\tilde{M} = \begin{bmatrix} I_m + Y_1^T \Delta M Y_1 & Y_1^T \Delta M R \\ R^T \Delta M Y_1 & R^T (M + \Delta M) R \end{bmatrix} \quad (\text{I.1.70})$$

1.4.7 Quelques remarques

Avec la stratégie développée tout au long de cette section, la précision atteinte par les solutions propres approchées du système modifié est très supérieure à celle obtenue avec la méthode de Rayleigh-Ritz classique. La raison en est qu'on a su mieux tenir compte de l'effet des modes non inclus dans la base modale initiale sur les déplacements engendrés par les perturbations. Pour obtenir des résultats similaires avec les modes identifiés du modèle initial sans correction statique, la base modale tronquée Y_1 devrait contenir beaucoup plus que $m + r$ modes.

Le nombre de résidus statiques requis est découplé du nombre de ddl modifiés. En pratique, on constate que l'enrichissement de la base de Ritz par seulement un vecteur

statique résiduel par macro-élément suffit à améliorer la qualité des approximations de façon très significative. La taille minimal de la base de résidus devant être retenue pour un macro-élément donné n'est pas estimable a priori. Elle dépend des déplacements générés au sein de la structure par les forces sur les ddl du macro-élément. Mais lors de la décomposition en valeurs singulières des résidus, on observe fréquemment un palier puis une décroissance rapide des valeurs singulières, indiquant ainsi combien de vecteurs résiduels utiles on doit conserver.

Chapitre 2

Applications numériques

Dans ce chapitre, on considère successivement deux structures éléments finis afin de valider les procédures numériques de réanalyse approchée présentées précédemment. Dans un premier temps, un petit modèle est utilisé pour comparer les trois algorithmes proposés. Dans un deuxième temps, un autre modèle industriel est employé pour montrer l'effet de l'adjonction des modes résiduels statiques.

Il a été montré que plus la taille de la base de Ritz est grande, plus la précision des solutions propres réanalysées s'améliore. La question est de savoir quel type de sous-base on a le plus intérêt à ajouter aux modes du système initial : des modes supplémentaires issus de cette même matrice modale (à condition d'en posséder d'autres) ou des vecteurs tels que les résidus statiques, porteurs d'une information synthétique sur la contribution des modes inconnus de plus haute fréquence ? Pour obtenir une réponse par l'intermédiaire des tests numériques, il a été décidé d'opérer avec une base de Ritz dont le nombre de colonnes est constant, avec tantôt seulement des modes initiaux, tantôt des modes initiaux et d'autres vecteurs qui prennent la place des modes de plus grand ordre.

Les réanalyses s'effectuent sur la base de matrices masse et raideur perturbées dont on connaît les niveaux de perturbation. Une réanalyse exacte est par ailleurs effectuée. L'utilisation de critères de comparaison (voir annexe C) entre les solutions propres exactes et approchées permet alors d'évaluer les erreurs commises par ces dernières.

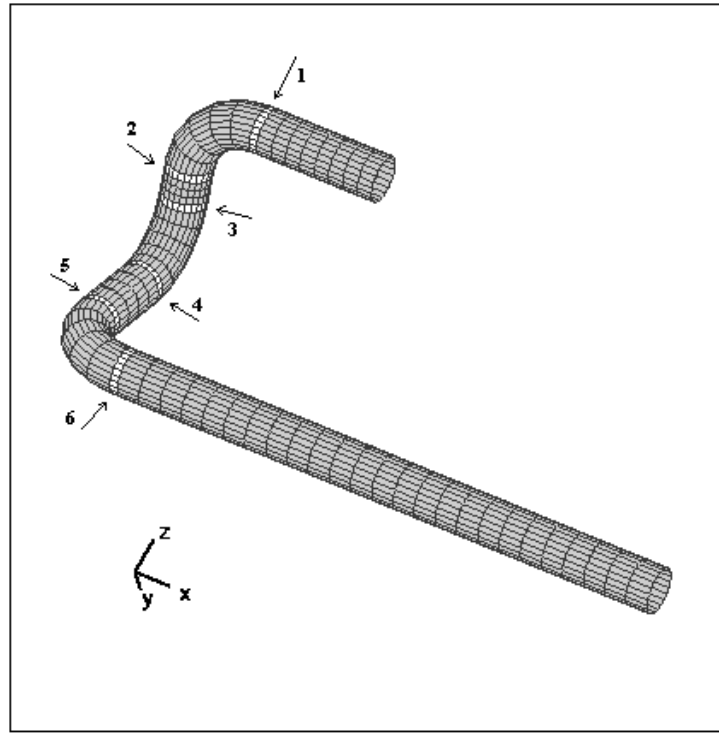


Figure I.2.1 : Structure tubulaire : localisation des zones

2.1 Petite structure industrielle

2.1.1 Présentation

La structure considérée représente un tube à paroi mince possédant trois coudes (figure I.2.1) dont le diamètre est de l'ordre de 0,2 m et la longueur de 2 m. Son modèle éléments finis est réalisé à l'aide de 640 éléments de type plaque, pour un total de 3840 ddl. Six macro-éléments représentant des joints de soudure sont définis en sélectionnant des anneaux de largeur égale à un élément. Les modifications appliquées aux macro-éléments mettent en jeu 576 ddl, et portent uniquement sur la valeur du module d'Young.

2.1.2 Première perturbation

Dans un premier temps, la modification imposée au modèle consiste à multiplier la raideur des éléments contenus dans les six macro-éléments par 0,5. On définit ainsi un modèle perturbé qui va servir de référence pour tous les tests de réanalyse approchée. Les solutions propres exactes du modèle perturbé se trouvent à une certaine distance de celles du modèle initial (figure I.2.2).

Signification des critères de comparaison employés :

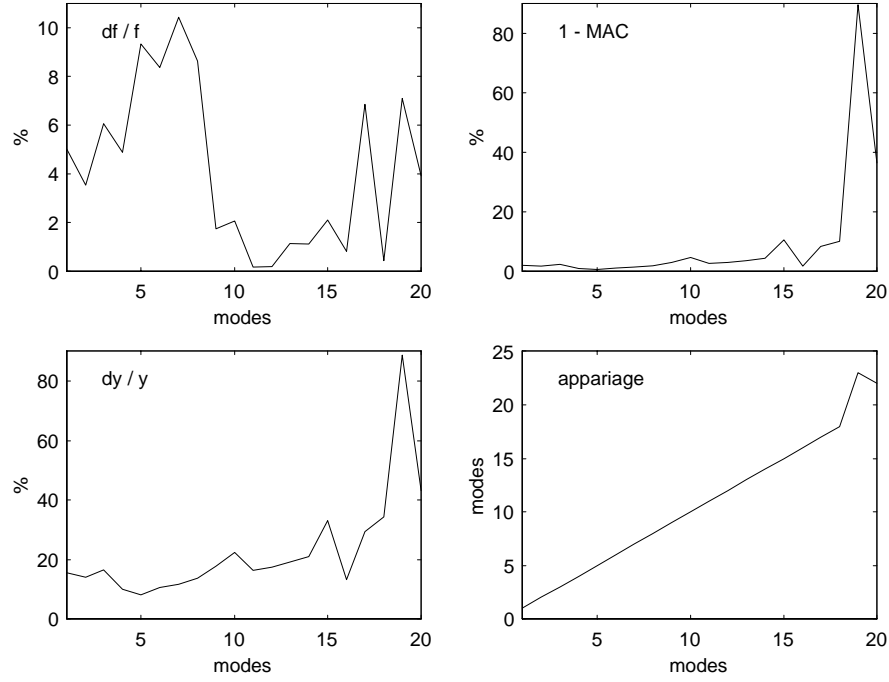


Figure I.2.2 : Première perturbation, écarts entre modèle initial et perturbé

1. Distance sur les fréquences propres :

$$\frac{\Delta f}{f} = \frac{|\tilde{f}_\nu^{ex} - f_\sigma|}{\max(\tilde{f}_\nu^{ex}, f_\sigma)} \quad (\text{I.2.1})$$

2. MAC :

$$MAC = \frac{\left(\tilde{y}_\nu^{exT} y_\sigma\right)^2}{\left(\tilde{y}_\nu^{exT} \tilde{y}_\nu^{ex}\right) \left(y_\sigma^T y_\sigma\right)} \quad (\text{I.2.2})$$

3. Distance sur les vecteurs propres :

$$\frac{\Delta y}{y} = \frac{\|\tilde{y}_\nu^{ex} - y_\sigma\|}{\frac{1}{2}(\|\tilde{y}_\nu^{ex}\| + \|y_\sigma\|)} \quad (\text{I.2.3})$$

Ces différences sont évaluées sur les paires de solutions propres qui sont désignées par la procédure d'appariage des modes exposée en annexe C.

Les trois méthodes de réanalyse approchée sont mises en œuvre et fournissent les résultats présentés dans la figure I.2.3.

Dans les trois cas, la base de Ritz comprend 100 vecteurs. Dans la première méthode, il s'agit des 100 premiers modes du modèle initial. Dans la deuxième approche, les 40 premiers modes initiaux sont complétés par 10 vecteurs d'erreur calculés pour chaque

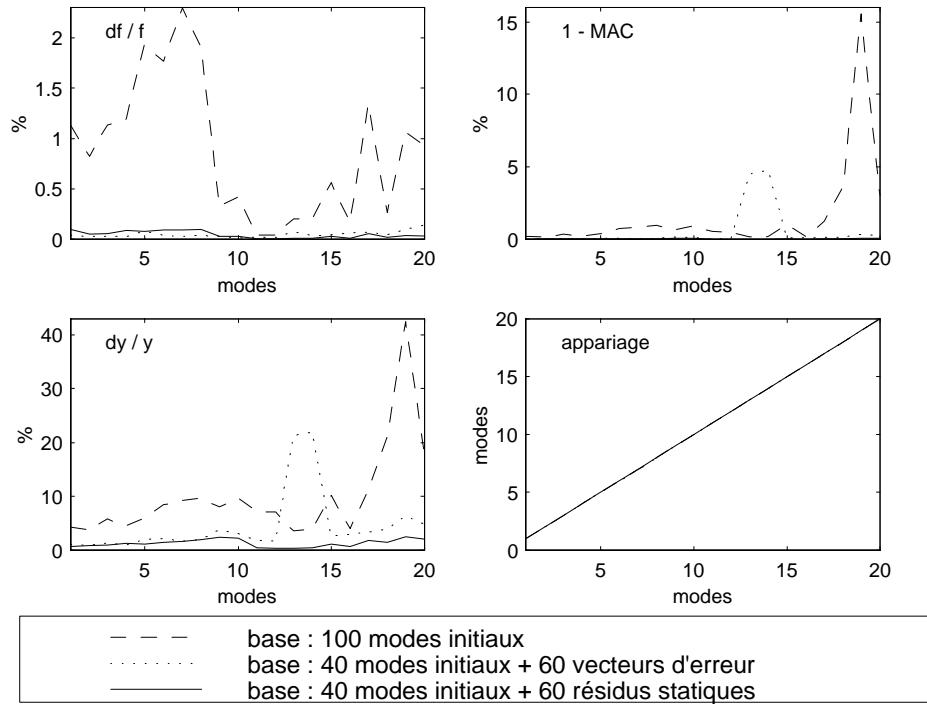


Figure I.2.3 : Première perturbation, écarts entre solutions exactes et approchées

macro-élément en utilisant le même paramètre de modification, soit 0,5. Enfin, dans la troisième approche, les 40 premiers modes initiaux sont enrichis par 10 résidus statiques également obtenus pour chaque macro-élément.

On observe que le remplacement des modes initiaux de plus haute fréquence par des vecteurs spécifiques entraîne une nette amélioration dans la précision d'évaluation des solutions propres du système modifié.

2.1.3 Seconde perturbation

On considère maintenant une perturbation différente, en multipliant la matrice de raideur des trois premiers macro-éléments par 0,3 et celle des trois autres par 0,7. La distance séparant le modèle initial du modèle perturbé est précisée sur la figure I.2.4. Les lignes discontinues signifient que certaines paires de modes n'ont pu être établies par manque de corrélation.

Les réanalyses approchées du système modifié sont effectuées en utilisant exactement les mêmes bases de projection que précédemment. Les résultats sont comparés dans la figure I.2.5.

Il en ressort encore que la méthode de la base de Ritz classique fournit de moins bons résultats que les deux autres méthodes, surtout sur les fréquences propres. De plus,

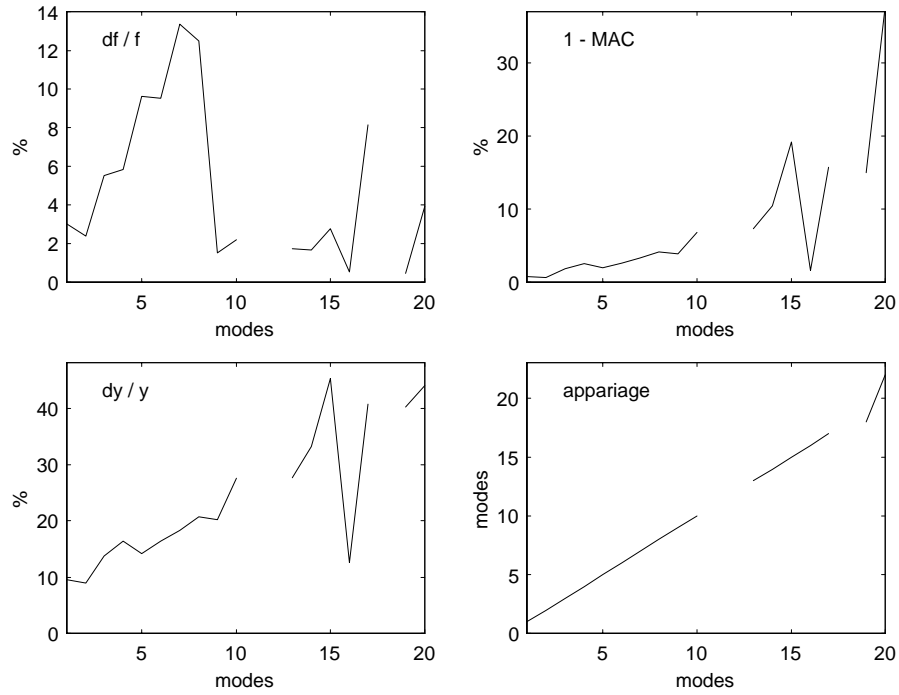


Figure I.2.4 : Seconde perturbation, écarts entre modèle initial et perturbé

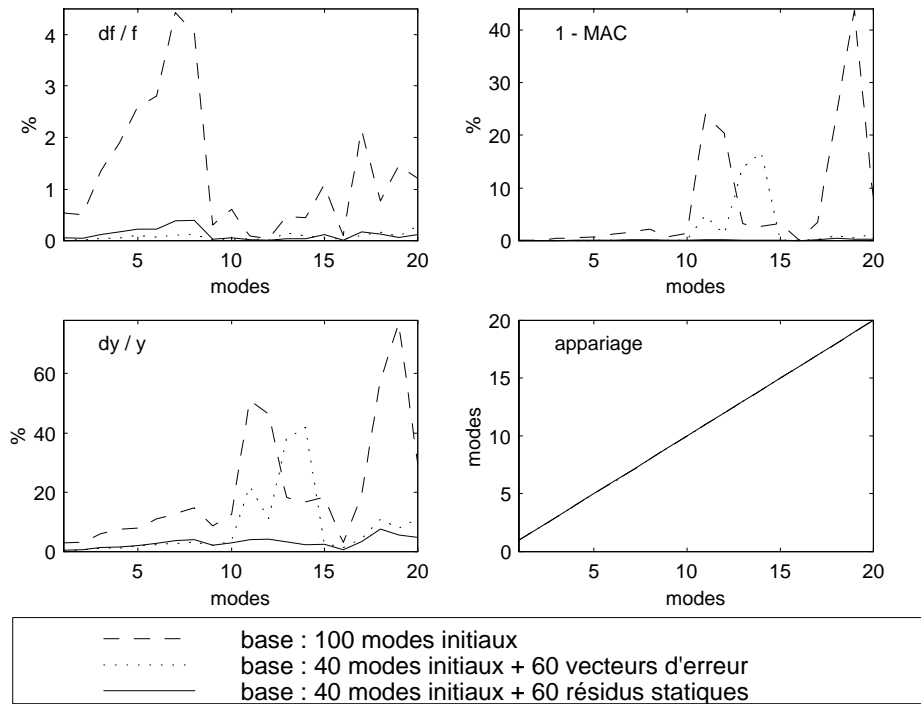


Figure I.2.5 : Seconde perturbation, écarts entre solutions exactes et approchées

l'approche basée sur les vecteurs d'erreur semble mise en défaut, sans doute car son domaine de validité est restreint au voisinage des paramètres de modification ayant servis à les calculer. La méthode utilisant les résidus statiques donne donc de façon significative les meilleures solutions.

2.2 Grande structure industrielle

2.2.1 Présentation

La structure industrielle en question (figure I.2.6) est une large plaque emboutie qui constitue une sous-structure du type plancher de véhicule routier. Son maillage éléments finis, composé de plaques en flexion, fin et complexe, fait apparaître des nervures, des trous, et des pliures représentant des lignes de jonction avec d'autres sous-structures. Les caractéristiques principales sont les suivantes :

- Caractéristiques géométriques et matérielles :

longueur de la plaque	1,08 m
largeur de la plaque	0,55 m
épaisseur de la tôle	0,7 mm
module d'Young	$2,1 \cdot 10^{11}$ Pa
masse volumique	6720 kg m^{-3}
coefficient de Poisson	0,3

- Caractéristiques du modèle éléments finis :

nombre de nœuds	2651
nombre d'éléments	2524
nombre de ddl	15906

La plaque n'est pas libre de contraintes. En effet, onze nœuds d'encastrement existent sur chacun des deux petits côtés. Il n'y a donc pas de modes de corps rigide.

On connaît les 180 premiers modes de vibration de la structure. Ils appartiennent à l'intervalle fréquentiel $]0, 1000[$ en Hz. La figure I.2.7 donne un aperçu des déformées modales des 8 premiers modes.

Dans la suite, on considère une bande d'analyse s'étendant du mode 1 au mode 30, c'est-à-dire les basses fréquences jusqu'à 180 Hz environ. Les comparaisons de solutions

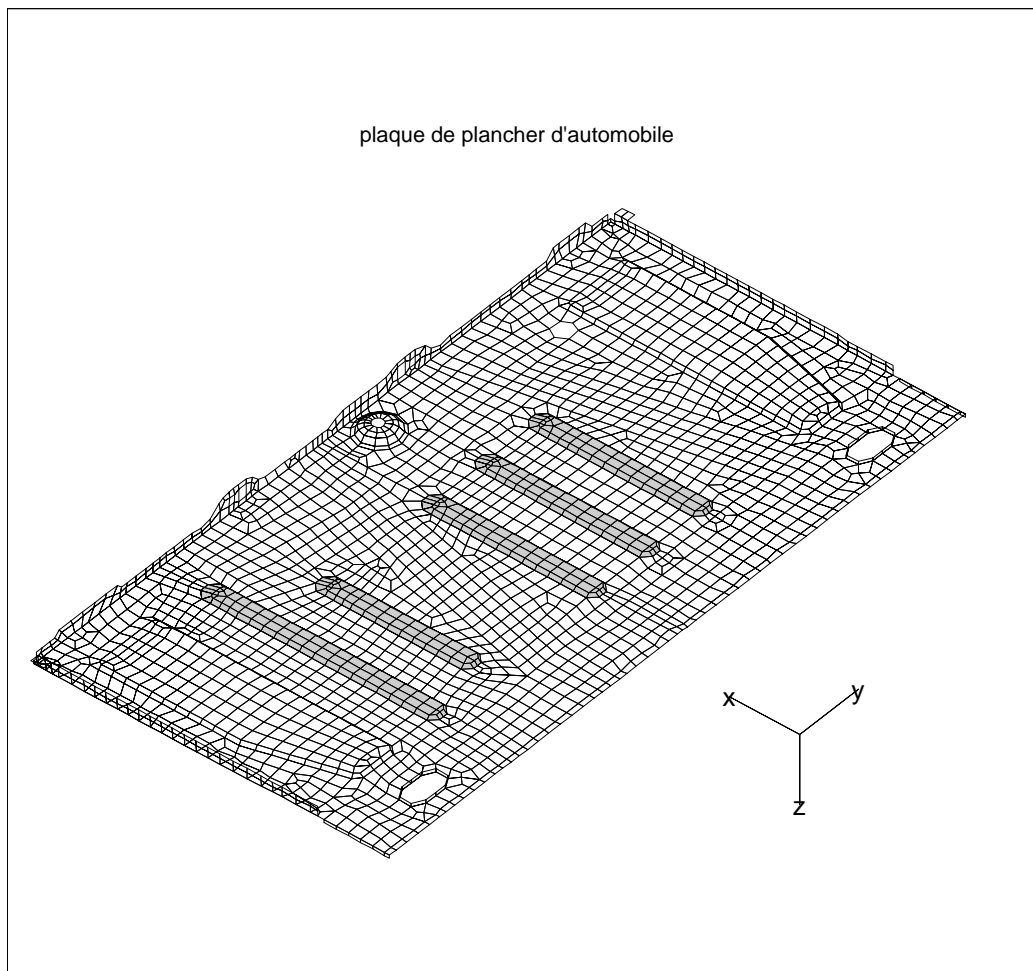


Figure I.2.6 : Structure plaque

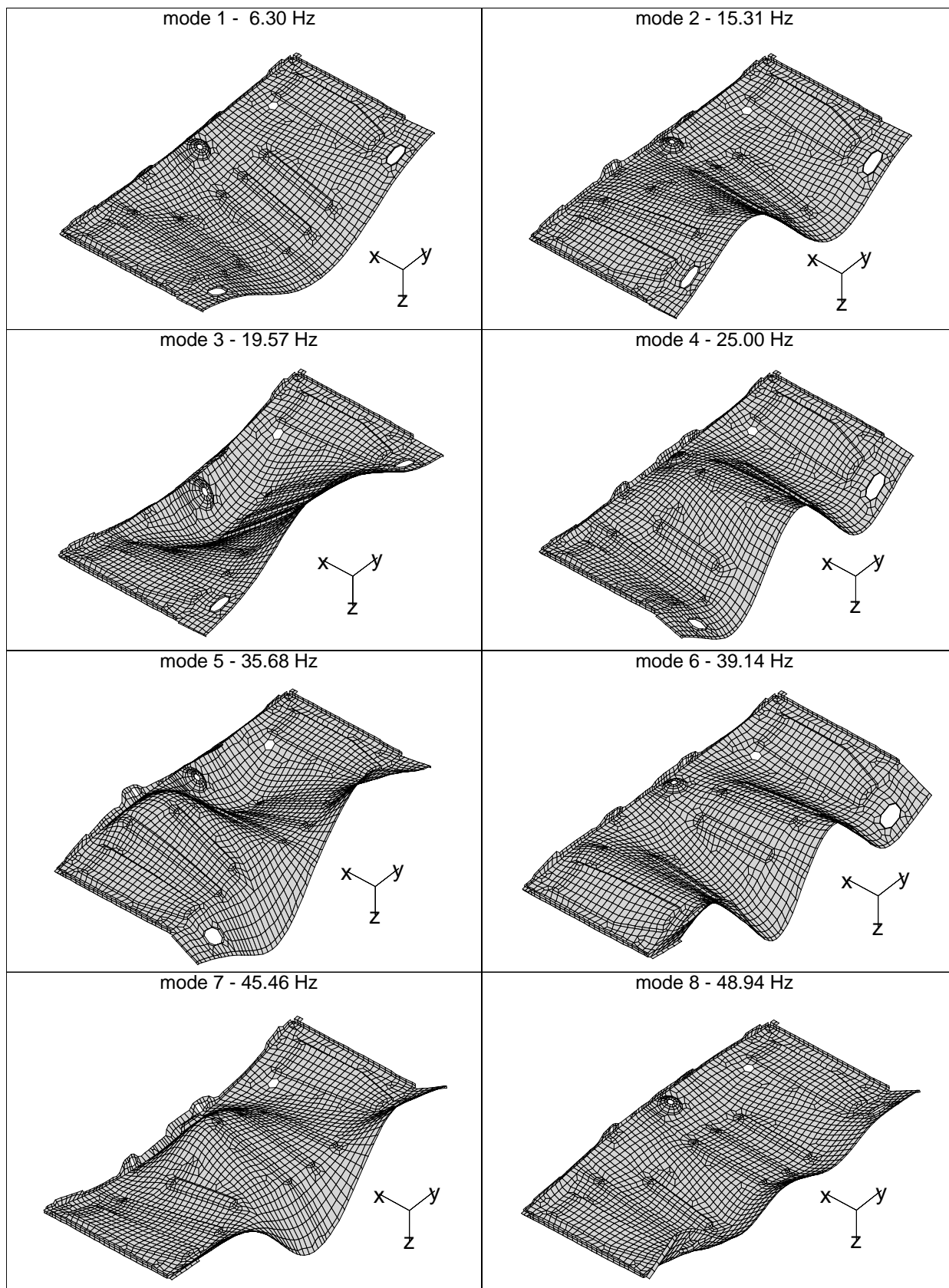


Figure I.2.7 : Déformées modales de la structure

propres s'effectueront dans cette bande, alors que les bases de Ritz pourront exploiter tout ou partie des modes du système initial, jusqu'à 5,5 fois la bande d'intérêt :

numéro de mode	fréquence (Hz)
30	177,6
130	730,6
180	999,1

2.2.2 Paramétrisation

Cinq macro-éléments sont définis sur le modèle. Ils correspondent aux cinq nervures droites observables sur la figure I.2.6. Le tableau suivant donne le nombre d'éléments contenus dans chacune d'elles (la numérotation des nervures est ordonnée selon le sens décroissant de l'axe y).

nervure	nombre d'éléments
1	69
2	69
3	69
4	65
5	89

Le total constitue 14,3 % de tous les éléments de la structure, ou encore 17,3 % de l'ensemble des ddl internes.

Cinq paramètres de conception sont choisis de telle sorte qu'une variation de l'un d'eux entraîne la modification de la matrice de raideur d'un macro-élément. Le tableau suivant précise l'association entre les paramètres et les macro-éléments, ainsi que leur type (E pour module d'Young).

paramètre	type	macro-élément
1	E	1
2	E	2
3	E	3
4	E	4
5	E	5

2.2.3 Création des vecteurs enrichissant la base de Ritz

La procédure de construction des vecteurs de résidus statiques est mise en œuvre afin de proposer une alternative à l'emploi exclusif de modes du système initial dans la

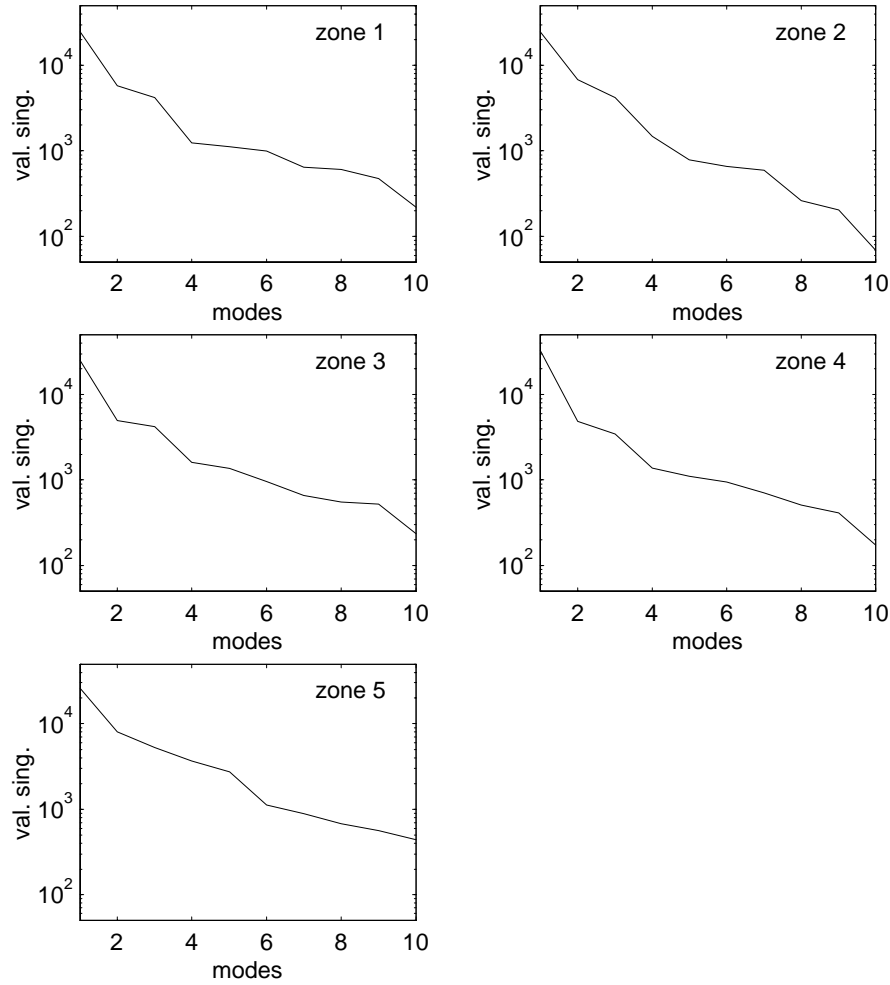


Figure I.2.8 : Valeurs singulières des matrices résiduelles

base de Ritz. Il est décidé de calculer 50 vecteurs, soit 10 par macro-élément, qui viendront se substituer aux 50 modes initiaux de plus haute fréquence lors des réanalyses approchées. Mais la principale difficulté pour y parvenir est d'extraire des vecteurs suffisamment indépendants les uns des autres dans le but de couvrir le plus large espace de représentation possible. Le critère d'assurance retenu est la décomposition en valeurs singulières car son mode de calcul est simple (annexe A) et le jugement aisé.

Sur la figure I.2.8, on reporte les valeurs singulières, rangées dans l'ordre décroissant, obtenues après estimation des modes résiduels pour chaque zone de perturbation. Dans chaque cas, le rapport relativement peu élevé entre la valeur maximale et la valeur minimale nous autorise à croire en une bonne orthogonalité des vecteurs calculés. Ils sont donc tous retenus et regroupés dans une même matrice R .

Une dernière vérification d'indépendance de vecteurs est effectuée en considérant les valeurs singulières de l'assemblage $\begin{bmatrix} Y_1 & R \end{bmatrix}$ comprenant les 130 premiers modes

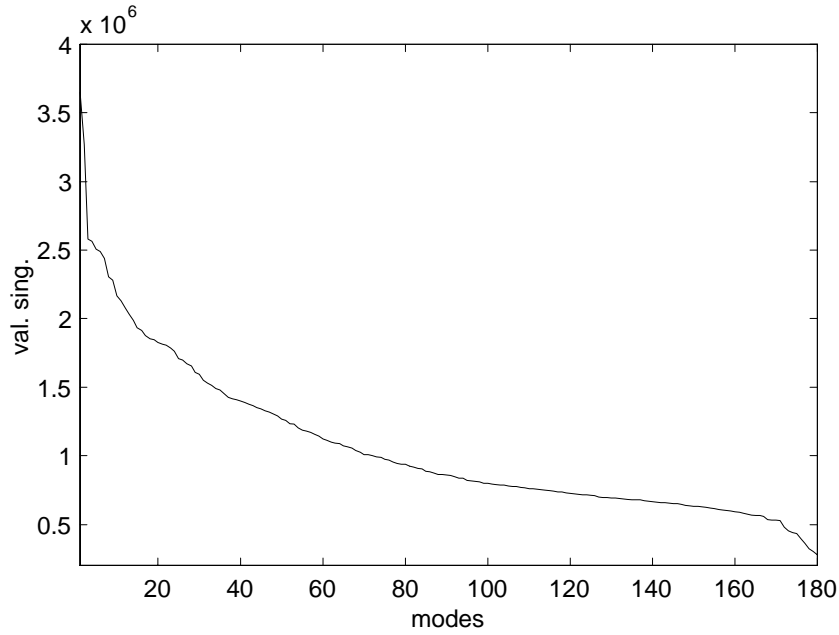


Figure I.2.9 : Valeurs singulières d'une base de Ritz assemblée

connus et les 50 résidus, appelé à être la base de Ritz la plus riche. L'examen de la figure I.2.9 indique un bon niveau d'indépendance des colonnes de la matrice, comme on pouvait s'y attendre puisque l'indépendance linéaire des résidus par rapport aux modes de Y_1 a été montrée.

Malgré le grand intérêt porté sur les résidus statiques, une base de vecteurs d'erreur est néanmoins calculée. Comme dans le cadre précédent, 10 vecteurs sont obtenus pour chaque macro-élément. Une réanalyse exacte du modèle perturbé est rendue nécessaire par cette méthode, et la perturbation, choisie a priori, consiste à multiplier les paramètres de conception par 0,5. L'assemblage des 50 vecteurs est réalisé dans la matrice δY . Un examen des valeurs singulières de δY permet d'estimer le degré d'indépendance de ses colonnes, c'est ce que montre la figure I.2.10.

Or il apparaît, à l'étude de la courbe, qu'il est préférable de ne pas exploiter les 50 vecteurs tant la décroissance des valeurs singulières est franche. La coupure centrale suggère de garder dans δY les 25 premières colonnes les plus indépendantes.

2.2.4 Définition de la première perturbation

Le système initial est perturbé en assignant la valeur de tous les paramètres à 0,5. Afin de pouvoir confronter les différents résultats issus de réanalyses approchées, les solutions propres du système modifié sont d'abord calculées de façon exacte.

La figure I.2.11 reproduit les écarts fréquentiels entre le système initial et modifié :

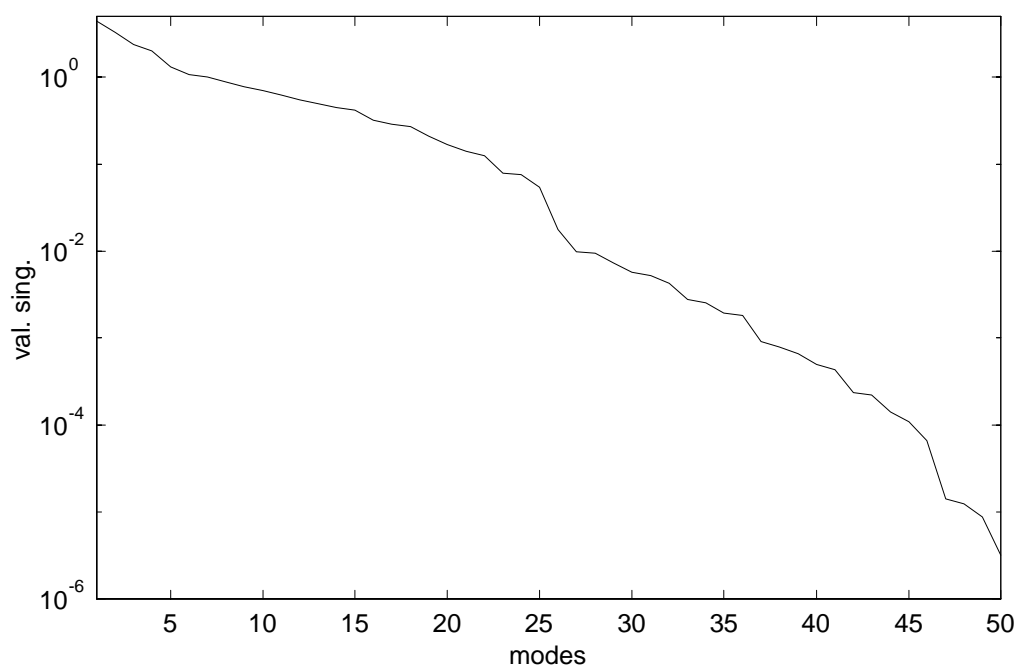


Figure I.2.10 : Valeurs singulières de la base de vecteurs d'erreur

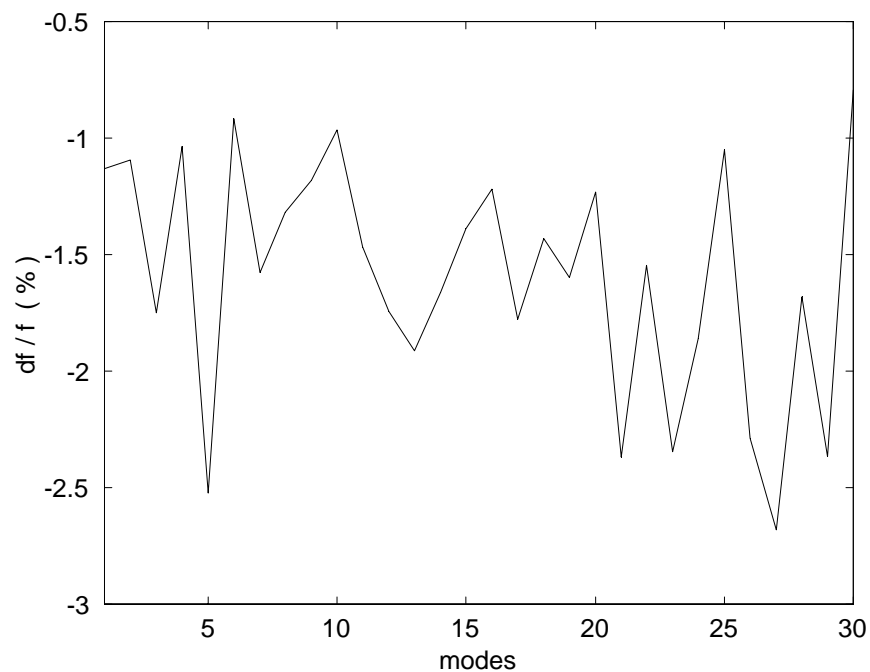


Figure I.2.11 : Première perturbation, erreurs entre fréquences initiales et perturbées

la souplesse introduite dans la structure a un effet très réduit sur les fréquences propres puisque l'écart reste inférieur à 3 % dans la bande d'analyse. Les vecteurs propres sont également relativement peu modifiés par la perturbation : la valeur du MAC entre les paires de modes de même indice est supérieure à 0,65 dans la bande d'analyse, la procédure d'appariage ne révèle aucune ambiguïté, c'est pourquoi on n'affiche pas les comparaisons des modes.

2.2.5 Comparaison des résultats

Afin de connaître l'évolution de la précision des solutions approchées en fonction de la qualité des vecteurs inclus dans la base de Ritz, on fait varier le nombre de modes initiaux et on complète par d'autres vecteurs. Les configurations étudiées en nombre de vecteurs sont les suivantes :

configuration	Y_1	R	δY
1	180	0	0
2	170	10	0
3	155	25	0
4	155	0	25
5	130	50	0

Les résultats issus des configurations 1, 3 et 5 sont visualisés sur la figure I.2.12. Elle montre l'importance de l'apport des résidus statiques puisque les erreurs fréquentielles sont progressivement diminuées si les modes initiaux d'ordre élevé sont remplacés par des vecteurs résiduels. Une autre présentation de cette évolution est visible sur la figure I.2.13 qui reprend les résultats des configurations 1, 2, 3 et 5. On y voit l'évolution (une évolution supposée car tous les points ne sont pas connus) des erreurs sur les 30 fréquences propres de la bande d'analyse en fonction du nombre de résidus statiques inclus dans la base de Ritz.

Quant à la configuration 4 qui utilise des vecteurs d'erreur, la réanalyse correspondante donne les résultats tracés sur la figure I.2.14. Ils sont irréguliers et globalement moins bons que ceux obtenus avec l'autre méthode.

2.2.6 Définition de la seconde perturbation

Une seconde perturbation vient modifier le système initial en optant pour des valeurs de paramètres égales à 0,1 (ce qui revient à assouplir la raideur des macro-éléments d'un facteur 10). Il en résulte des solutions propres du système modifié plus éloignées

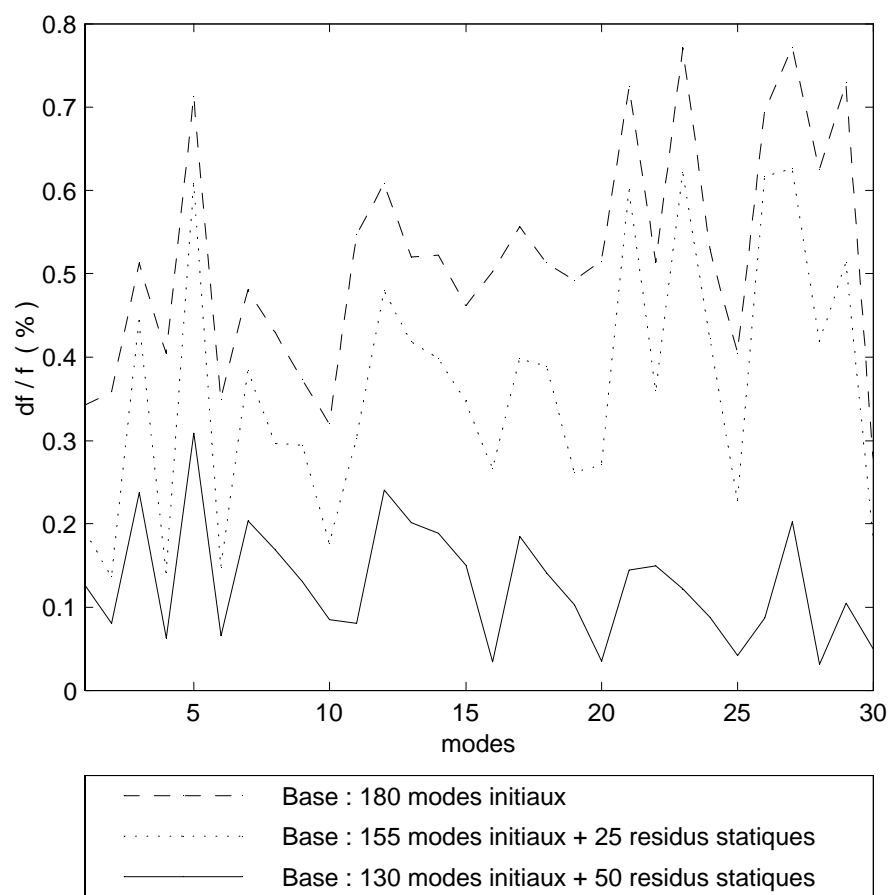


Figure I.2.12 : Première perturbation, erreurs entre fréquences exactes et approchées

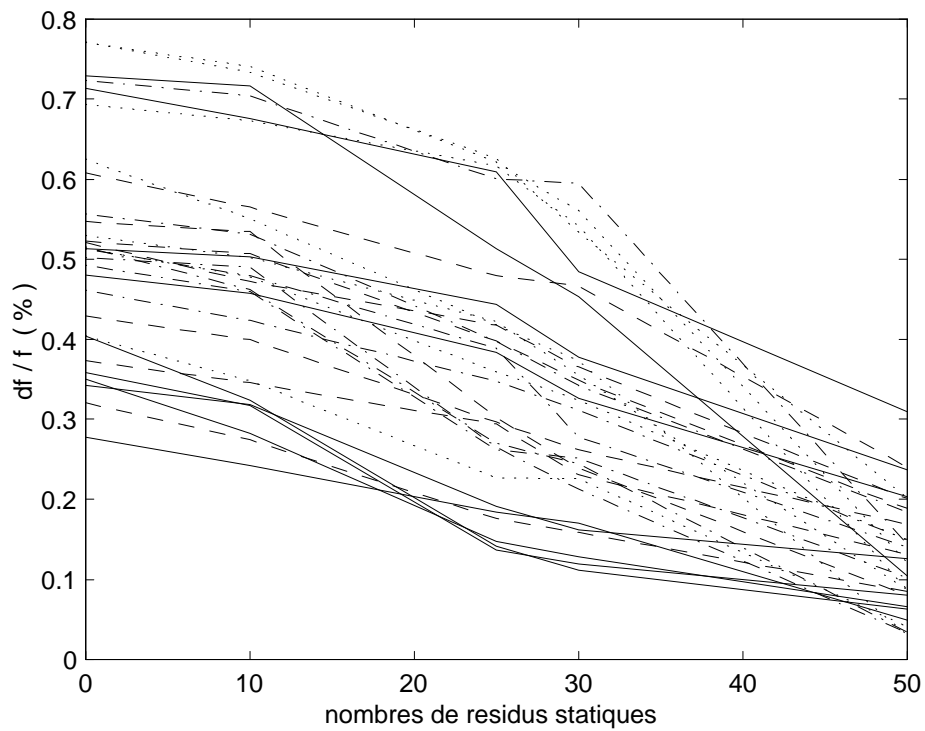


Figure I.2.13 : Première perturbation, évolution des erreurs selon le nombre de résidus

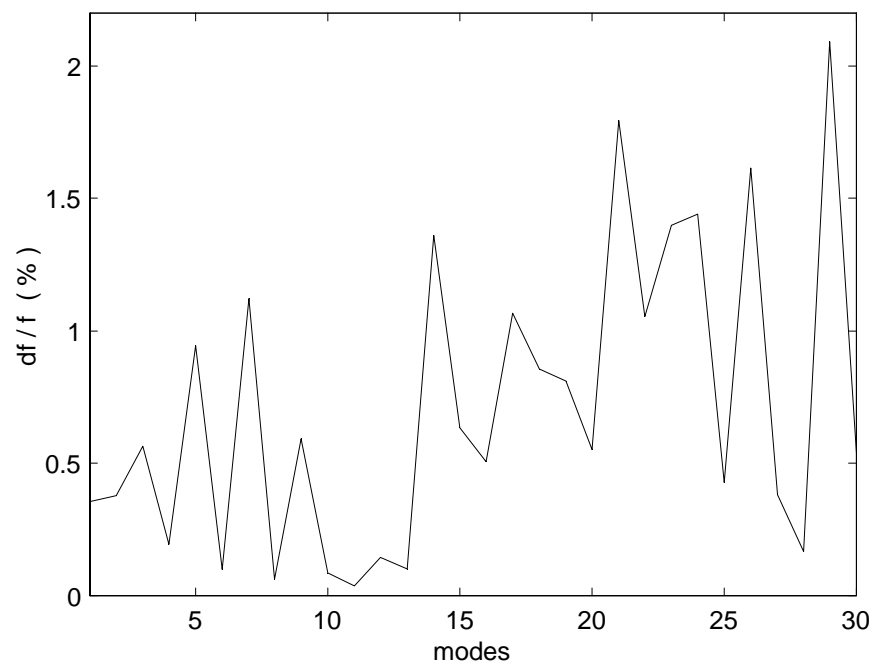


Figure I.2.14 : Première perturbation, erreurs entre fréquences exactes et approchées

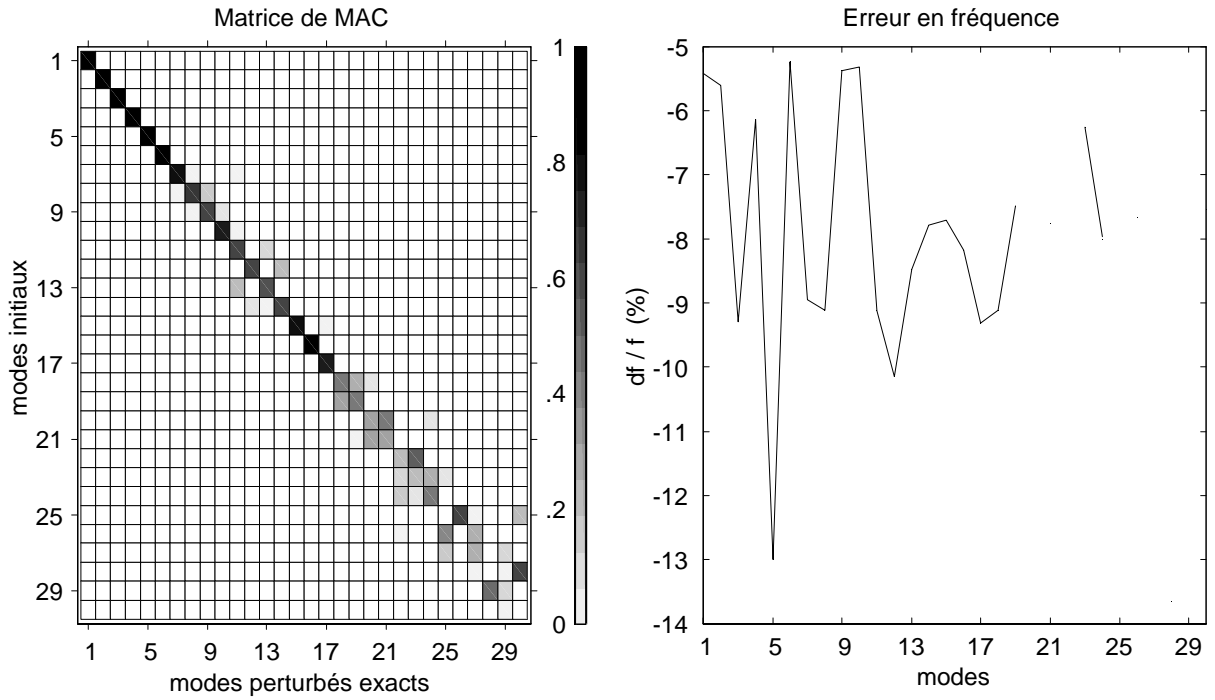


Figure I.2.15 : Seconde perturbation, écarts entre modèle initial et perturbé

qu'avec la perturbation précédente, comme le montre la figure I.2.15. Certaines erreurs fréquentielles dépassent les 10 %, et à l'intérieur de la bande d'analyse l'appariage des modes selon le critère du MAC n'est plus aussi évident que précédemment. On observe même des modes non appariés (la valeur minimale utilisée pour valider une paire de modes est ici de 0,5), ce qui explique les discontinuités de la courbe de droite.

2.2.7 Comparaison des résultats

Partant de ces mêmes valeurs de paramètres, une série de réanalyses approchées est effectuée. L'ordre du système réduit est toujours de 180, le contenu de la base de projection variant selon les configurations suivantes (en nombre de vecteurs) :

configuration	Y_1	R
1	180	0
2	155	25
3	130	50

Les trois configurations proposées fournissent des solutions approchées qui sont comparées aux solutions exactes. La figure I.2.16 permet de visualiser les valeurs de MAC des paires de modes de la bande d'analyse. Alors que la configuration 2 n'entraîne que peu d'amélioration dans la colinéarité des modes approchés vis-à-vis des modes

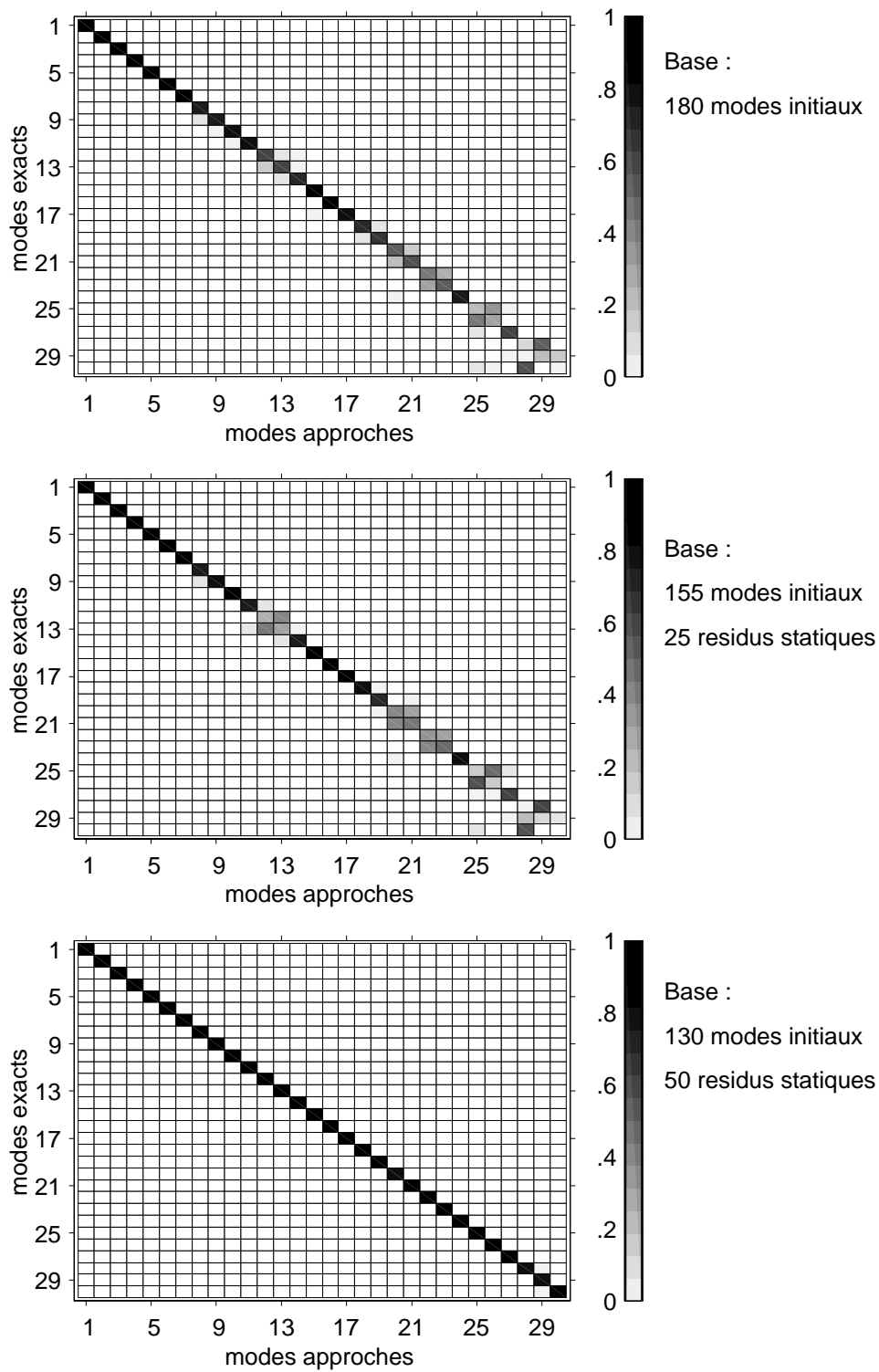


Figure I.2.16 : Seconde perturbation, MAC entre modes exacts et approchés

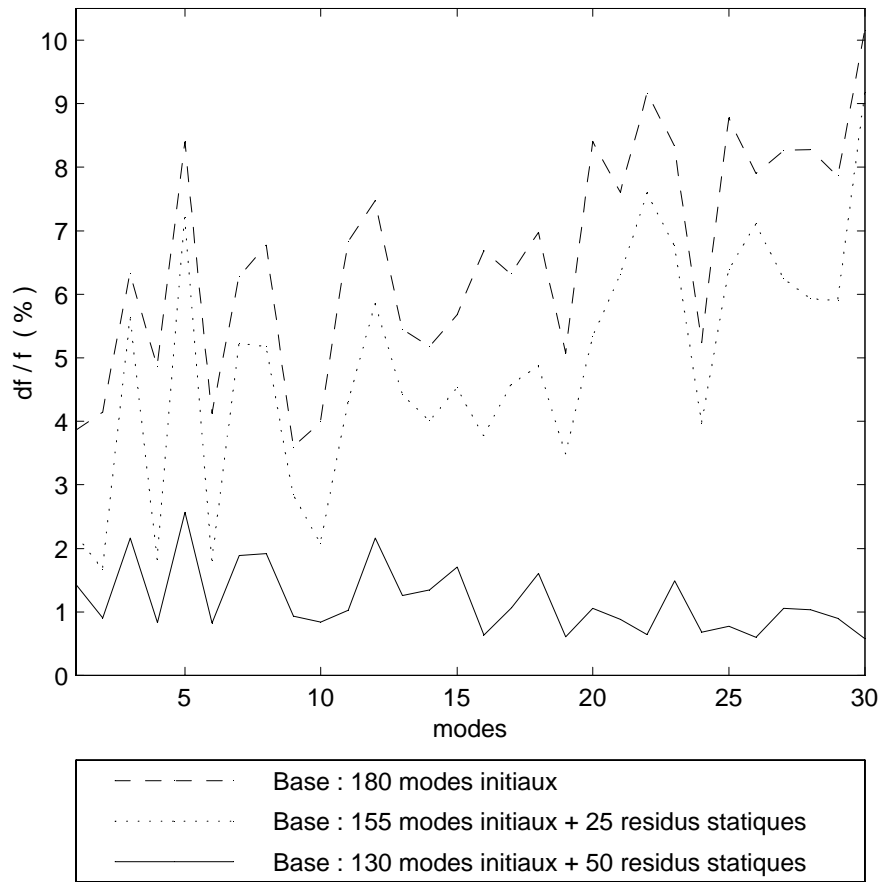


Figure I.2.17 : Seconde perturbation, erreurs entre fréquences exactes et approchées

exacts par rapport à la configuration 1, au contraire avec la configuration 3 la précision obtenue est remarquable. En ce qui concerne les fréquences propres, la figure I.2.17 affiche les erreurs commises sur les fréquences exactes, en appliquant l'appariage issu des matrices de MAC de la figure I.2.16. Quant à la figure I.2.18, elle donne une autre vision de l'évolution de ces mêmes erreurs, sur la base des 30 premières fréquences, en fonction du nombre de vecteurs résiduels. On peut remarquer que la réanalyse bénéficie pleinement de l'effet de représentation des modes de rang plus élevé dans la base de Ritz, les erreurs fréquentielles tendent toutes à être de faible niveau dans la bande d'analyse.

2.3 Conclusion

Le coût en temps de calcul de chaque étape importante a été mesuré dans le cas de la structure plaque. Le tableau suivant récapitule des durées moyennes obtenues sur une

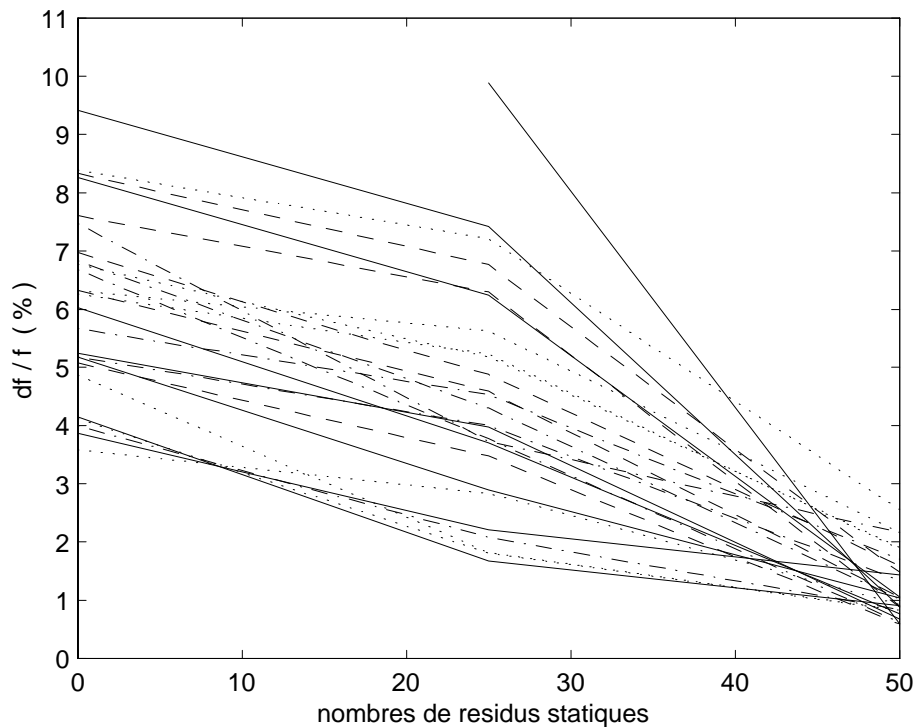


Figure I.2.18 : Seconde perturbation, évolution des erreurs selon le nombre de résidus

même machine¹ :

calcul de 50 vecteurs résiduels	15 mn
calcul de 50 vecteurs d'erreur	1 h
réanalyse exacte de 30 modes	15 mn
réanalyse approchée de 180 modes	30 s

Comme on peut le constater, une réanalyse approchée avec une base de Ritz comportant 180 vecteurs est 30 fois plus rapide qu'une réanalyse exacte (par une méthode Lanczos). Ces durées ne tiennent pas compte de l'assemblage des matrices masse et raideur réduites initiales. De ces considérations, on peut retenir que pour un coût moyen investi dans la construction d'une base de résidus statiques, des réanalyses alliant précision et rapidité sont réalisables dans un domaine pratique de modifications paramétriques.

¹Station HP9000 715/75 avec 256 Mo de RAM

Chapitre 3

Précision des valeurs propres approchées

3.1 Bornes d'erreur supérieures a posteriori

3.1.1 Force résiduelle

Les hypothèses de départ sont les suivantes : on connaît les matrices masse M et raideur K d'un modèle, et un ensemble de solutions propres (λ_ν, y_ν) approchant les solutions propres exactes du problème généralisé

$$(K - \lambda_\nu^{ex} M) y_\nu^{ex} = 0 \quad (\text{I.3.1})$$

Aux résonances, les solutions approchées n'annulent pas le second terme de l'équation I.3.1 et génèrent des forces résiduelles. Le vecteur force résiduel s'exprime par :

$$r_\nu = (K - \lambda_\nu M) y_\nu \quad (\text{I.3.2})$$

L'information contenue dans r_ν est utile dans le sens où elle constitue un bon critère de qualité des modes approchés, par exemple dans le cadre d'un algorithme itératif. Ainsi, on peut définir un critère simple :

$$\varepsilon_\nu = \frac{\|r_\nu\|}{\|K y_\nu\|} \quad (\text{I.3.3})$$

Si $\varepsilon_\nu = 0$ alors (λ_ν, y_ν) sont évidemment les solutions exactes de I.3.1. Dans les autres cas, ε_ν est une mesure de l'erreur commise par l'approximation. Mais il faut noter qu'elle ne permet pas de séparer les erreurs affectant les valeurs et les vecteurs propres.

On va maintenant chercher à relier le résidu r_ν aux erreurs commises sur les valeurs propres dans le cadre de la réanalyse approchée, erreurs qu'on peut estimer en valeur

absolue sous la forme $|\lambda_\nu^{ex} - \lambda_\nu|$. Les modes et les valeurs propres approchés interviennent dans le calcul, il s'agit donc d'une estimation d'erreurs a posteriori. Deux types de bornes supérieures sont proposés ci-après, la différence qui les sépare repose sur la formulation de la valeur maximale de l'écart sur les valeurs propres.

3.1.2 Bornes basées sur l'inverse de M

En tenant compte des relations d'orthonormalité

$$\begin{aligned} Y^{exT} M Y^{ex} &= I_N \quad ; \quad Y^{exT} K Y^{ex} = \Lambda^{ex} \\ Y^{ex} &\in \mathbb{R}^{N,N} \quad ; \quad \Lambda^{ex} \in \mathbb{R}^{N,N} \end{aligned} \quad (\text{I.3.4})$$

vérifiées par les solutions propres exactes, l'équation I.3.2 est réécrite pour faire apparaître la souplesse dynamique :

$$y_\nu = (K - \lambda_\nu M)^{-1} r_\nu \quad (\text{I.3.5})$$

$$= (Y^{exT} \Lambda^{ex} Y^{ex-1} - \lambda_\nu Y^{exT} Y^{ex-1})^{-1} r_\nu \quad (\text{I.3.6})$$

$$= Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} Y^{exT} r_\nu \quad (\text{I.3.7})$$

L'idée consiste ensuite à obtenir l'expression de $y_\nu^T M y_\nu$ afin de profiter du fait qu'on connaît la valeur de sa norme :

$$y_\nu^T M y_\nu = r_\nu^T Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-T} Y^{exT} M Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} Y^{exT} r_\nu \quad (\text{I.3.8})$$

$$= r_\nu^T Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-T} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} Y^{exT} r_\nu \quad (\text{I.3.9})$$

$$= r_\nu^T Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-2} Y^{exT} r_\nu \quad (\text{I.3.10})$$

D'où les relations suivantes après passage à la norme :

$$1 = \|r_\nu^T Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-2} Y^{exT} r_\nu\| \quad (\text{I.3.11})$$

$$\leq \|Y^{ex}\| \|Y^{exT}\| \|(\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-2}\| \|r_\nu^T\| \|r_\nu\| \quad (\text{I.3.12})$$

$$\leq \|M^{-1}\| \|(\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-2}\| \|r_\nu\|^2 \quad (\text{I.3.13})$$

$(\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1}$ est une matrice diagonale, par conséquent sa norme spectrale, définie comme étant égale à sa plus grande valeur singulière, est simplement le maximum de ses termes diagonaux en valeur absolue. L'inégalité précédente devient donc :

$$1 \leq \|M^{-1}\| \left(\max |\lambda_\sigma^{ex} - \lambda_\nu|^{-1} \right)^2 \|r_\nu\|^2 \quad (\text{I.3.14})$$

ou encore

$$|\lambda_\sigma^{ex} - \lambda_\nu| \leq \sqrt{\|M^{-1}\|} \|r_\nu\| \quad (\text{I.3.15})$$

Ce qui signifie que pour une valeur propre approchée d'indice ν , il en existe une exacte d'indice σ telle que leur différence est bornée par un terme maximum défini à droite de l'équation I.3.15.

En ce qui concerne l'évaluation de $\|M^{-1}\|$, il est irréaliste de vouloir calculer explicitement M^{-1} pour des modèle dont la taille en ddl dépasse un certain seuil relativement bas. Heureusement, il existe un moyen de lever cet écueil en calculant uniquement la première valeur propre d'un problème simple :

$$(M - \mu I_N) \phi = 0 \quad \Rightarrow \quad \|M^{-1}\| = \frac{1}{\mu_1} \quad (\text{I.3.16})$$

3.1.3 Bornes basées sur le déplacement statique résiduel

Partant de l'équation du résidu I.3.2 et des relations I.3.4, on a :

$$r_\nu = Y^{ex-T} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N) Y^{ex-1} y_\nu \quad (\text{I.3.17})$$

En multipliant à gauche par K^{-1} , on introduit le déplacement statique résiduel $K^{-1}r_\nu$ obtenu à partir de la force résiduelle r_ν :

$$K^{-1}r_\nu = K^{-1}Y^{ex-T} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N) Y^{ex-1} y_\nu \quad (\text{I.3.18})$$

$$= Y^{ex} \Lambda^{ex-1} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N) Y^{ex-1} y_\nu \quad (\text{I.3.19})$$

d'où

$$y_\nu = Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} \Lambda^{ex} Y^{ex-1} K^{-1}r_\nu \quad (\text{I.3.20})$$

Le passage à la norme fournit les résultats suivants :

$$\|y_\nu\| = \|Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} \Lambda^{ex} Y^{ex-1} K^{-1}r_\nu\| \quad (\text{I.3.21})$$

$$\leq \|Y^{ex} (\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1} \Lambda^{ex} Y^{ex-1}\| \|K^{-1}r_\nu\| \quad (\text{I.3.22})$$

$$\leq \|Y^{ex}\| \|Y^{ex-1}\| \|\Lambda^{ex}\| \|(\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1}\| \|K^{-1}r_\nu\| \quad (\text{I.3.23})$$

où il est clair qu'on peut opérer les substitutions

$$\|Y^{ex}\| \|Y^{ex-1}\| = \text{cond}(Y^{ex}) \quad (\text{I.3.24})$$

$$\|\Lambda^{ex}\| = \lambda_N^{ex} \quad (\text{I.3.25})$$

$$\|(\Lambda^{ex} - \lambda_\nu I_N)^{-1}\| = \max |\lambda_\sigma^{ex} - \lambda_\nu|^{-1} \quad (\text{I.3.26})$$

ce qui permet de dire que, pour une valeur propre approchée λ_ν , il existe une valeur propre exacte λ_σ^{ex} telle que :

$$|\lambda_\sigma^{ex} - \lambda_\nu| \leq \text{cond}(Y^{ex}) \lambda_N^{ex} \frac{\|K^{-1}r_\nu\|}{\|y_\nu\|} \quad (\text{I.3.27})$$

La borne supérieure de l'erreur sur les valeurs propres dépend cette fois-ci du conditionnement de la matrice modale Y^{ex} , de la plus grande valeur propre exacte λ_N^{ex} , et du rapport entre la norme du déplacement statique résiduel et la norme du mode qui en est la cause. Les remarques qui suivent fournissent quelques éclaircissements sur l'évaluation pratique de ces termes.

- En ce qui concerne le déplacement statique $K^{-1}r_\nu$, et notamment l'utilisation de la décomposition de Cholesky de K , les commentaires réalisés à propos du calcul de la solution statique dans le premier chapitre (équation I.1.55) s'appliquent aussi dans le cas présent.
- L'estimation de $\text{cond}(Y^{ex})$ peut être obtenue sans connaître Y^{ex} , car on a l'équivalence suivante :

$$\text{cond}(Y^{ex}) = \text{cond}(M_c) \quad (\text{I.3.28})$$

où M_c est le résultat d'une décomposition de Cholesky de M , $M = M_c^T M_c$. La preuve en est donnée ci-après. En posant $\varphi_\nu = M_c y_\nu^{ex}$, le problème généralisé I.3.1 est transformable en un problème simple :

$$(K - \lambda_\nu^{ex} M_c^T M_c) y_\nu^{ex} = 0 \quad (\text{I.3.29})$$

$$M_c^T (M_c^{-T} K M_c^{-1} - \lambda_\nu^{ex} I_N) M_c y_\nu^{ex} = 0 \quad (\text{I.3.30})$$

$$(M_c^{-T} K M_c^{-1} - \lambda_\nu^{ex} I_N) \varphi_\nu = 0 \quad (\text{I.3.31})$$

Soit Φ la matrice rassemblant les vecteurs propres φ_ν , on a $\Phi = M_c Y^{ex}$. Étant donné que le bloc $M_c^{-T} K M_c^{-1}$ est hermitien, on a également $\text{cond}(\Phi) = 1$ et $\|\Phi\| = 1$. On en déduit :

$$\|Y^{ex}\| = \|M_c^{-1}\| \text{ et } \|Y^{ex-1}\| = \|M_c\| \quad (\text{I.3.32})$$

donc $\|Y^{ex}\| \|Y^{ex-1}\| = \|M_c\| \|M_c^{-1}\|$.

- Quant au terme λ_N^{ex} , son évaluation nécessite de résoudre le problème I.3.1 sur une seule valeur propre, celle de rang N dans l'ordre croissant, donc à l'autre bout du spectre.

3.2 Quelques remarques

Les restrictions à l'utilisation des bornes définies ci-dessus doivent être exposées pour bien cerner leur domaine de validité.

- Limitations

Dans les inégalités I.3.15 et I.3.27, il est clair que la distance $|\lambda_\sigma^{ex} - \lambda_\nu|$ est exploitable seulement si les valeurs et vecteurs propres approchés sont relativement peu éloignés de leurs homologues exacts. Si des croisements ou des sauts de modes interviennent, l'appariage est imprévisible et il sera difficile de connaître les couples (σ, ν) qui satisfont les inégalités. De même, il est préférable que les valeurs propres soient suffisamment séparées.

Ce type de bornes est donc réservé à des applications en relation avec une réanalyse qui garantie une bonne précision sur les solutions propres calculées.

- Réalités des cas tests

Les formulations qui permettent d'estimer les bornes maximales sont clairement un frein à leur utilisation sur des modèles de moyenne et grande taille. De plus, il n'est pas certain que les majorations ne soient pas trop importantes pour avoir une signification pratique.

Conclusion

Le travail de recherche de cette première partie de mémoire est consacré à l'étude des méthodes de réanalyse approchée. En élastodynamique, pour d'évidentes raisons de coût numérique et de temps, ces méthodes sont d'un grand intérêt dès qu'une procédure requiert un nombre important de résolutions d'un problème aux valeurs propres. C'est le cas par exemple de l'identification paramétrique.

La technique de Rayleigh-Ritz classique repose sur l'utilisation d'une base de projection qui est la base modale tronquée du modèle initial. Quoique donnant déjà une réelle satisfaction tant en vitesse d'exécution qu'en simplicité de mise en œuvre, ses capacités à fournir des solutions propres approchées suffisamment précises s'avèrent décevantes lorsque la perturbation en masse et en raideur éloigne le modèle de son état initial.

Dans le premier chapitre consacré aux exposés théoriques, une technique originale pour obtenir, macro-élément par macro-élément, des vecteurs de résidus statiques a été présentée. Ces vecteurs enrichissent la base modale tronquée en apportant des informations sur les données manquantes du problème initial, à savoir les modes inconnus de plus haute fréquence. Les applications numériques, qui ont suivi dans le deuxième chapitre avec notamment la présence d'un modèle de structure industrielle comportant environ 16000 ddl, ont mis en évidence l'apport très bénéfique des résidus statiques sur la diminution des erreurs entre les modes et les fréquences calculés de façon approchée et leurs homologues exacts.

La même matrice de résidus statiques est a priori valable pour l'ensemble des itérations d'une procédure de recalage. Néanmoins il serait intéressant, par comparaison sur un critère de convergence, d'effectuer des réanalyses approchées avec une base actualisée à intervalle régulier. Elle serait construite à partir des modes exacts du modèle défini par les valeurs courantes des paramètres. D'autres perspectives sont envisagées en ce qui concerne l'emploi de la technique proposée :

- la réanalyse de modèle dont la géométrie est perturbée (Kirsch [27] en statique) : une approximation des modes pourrait être obtenue pour un modèle dont la topologie a changé (éléments ajoutés ou éliminés, nœuds déplacés) ;
- l'application à la discernabilité de modèles (Ayer [2]) : le problème est de déterminer, pour un résidu donné, si les modèles sont discernables les uns des autres lorsque les paramètres varient ; or l'élaboration d'une carte de discernabilité requiert un grand nombre de réanalyses.

Diverses techniques permettant d'estimer les bornes supérieures sur les erreurs fréquentielles ont également été proposées. Elles se heurtent à des difficultés d'application sur un modèle de taille industrielle. Une étude sur l'incorporation des résidus statiques à la méthode d'évaluation des bornes inférieures déjà citée en introduction (Ram [37]) serait pourtant souhaitable dans la mesure où elle donnerait avant réanalyse une indication sur la précision minimale pouvant être atteinte avec la base de projection.

PARTIE II

Application d'une méthode évolutionnaire d'optimisation au recalage de modèles

Notations relatives à la deuxième partie

\mathbb{R}	ensemble des nombres réels
p	nombre de paramètres actifs
$p_i \in \mathbb{R}$	$i^{\text{ème}}$ paramètre actif
τ	taille de la population
$v_i \in \mathbb{R}^p$	$i^{\text{ème}}$ membre de la population (vecteur de paramètres)
f	fonction coût
$f(v_i) \in \mathbb{R}$	valeur de l'adaptation de v_i
μ	probabilité de mutation
g	numéro de la génération courante
G	nombre total de générations
n_g	nombre critique de générations pour la convergence
$b_{\text{inf}}, b_{\text{sup}}$	borne inférieure et supérieure de variation des paramètres
n_b	nombre de bandes d'échantillonnage dans $[b_{\text{inf}}, b_{\text{sup}}]$
δ_b	largeur de bande d'échantillonnage
$\rho(p_i)_k$	densité du paramètre p_i dans la $k^{\text{ème}}$ bande
n_m	nombre des “meilleurs” membres de la population
\bar{p}_i	valeur la plus probable du paramètre p_i
d_{ij}	distance euclidienne entre les membres v_i et v_j
ζ	résolution minimale de deux membres de la population
$s(v_i, v_j) \in \mathbb{R}$	fonction de partage entre les membres v_i et v_j
n_u	taille d'une niche
η	seuil de densité d'une niche
ε_{p_i}	résolution minimale sur le paramètre p_i
\mathcal{H}	table de l'historique des membres dont l'adaptation est connue

N	nombre de degrés de liberté (ddl) du modèle éléments finis
$\lambda_\nu^m \in \mathbb{R}$	$\nu^{\text{ème}}$ valeur propre du modèle
$y_\nu^m \in \mathbb{R}^N$	$\nu^{\text{ème}}$ vecteur propre du modèle
N_c	nombre de capteurs sur la structure
$\lambda_\sigma^s \in \mathbb{R}$	$\sigma^{\text{ème}}$ valeur propre identifiée de la structure
$y_\sigma^s \in \mathbb{R}^{N_c}$	$\sigma^{\text{ème}}$ vecteur propre identifié de la structure
$i = 1(1)N$	i variant de 1 à N avec un pas de 1
$\ \cdot\ $	norme euclidienne

Introduction

Dans le contexte du recalage de modèle, la procédure suivie pour déterminer les paramètres inconnus procède à leur recherche en satisfaisant à un critère prédéfini qui est généralement la minimisation d'une fonction coût censée représenter la distance entre le modèle et la structure réelle. Alors que l'emploi de méthodes inverses adaptées à ce problème non linéaire est courant, les méthodes d'optimisation directes démontrent de plus en plus leur aptitude à le résoudre. Parmi elles, les algorithmes évolutionnaires (Michalewicz [68]), englobant les algorithmes génétiques, les stratégies de l'évolution et toutes les techniques hybrides, sont clairement désignés comme étant les plus efficaces.

On observe depuis quelques années un véritable engouement pour les algorithmes évolutionnaires dans la plupart des branches de l'ingénierie. Ils bénéficient d'un développement rapide grâce à l'apport d'idées issues de nombreux champs de la science, dont l'informatique, la biologie. Leur domaine d'application ne fait que croître et comprend déjà de nombreux thèmes, parmi lesquels :

- l'optimisation combinatoire ;
- la résolution des problèmes d'emploi du temps ;
- les mécanismes d'apprentissage (Hassas [60]) ;
- la modélisation de bases de données (MacKay [66]) ;
- l'entraînement des réseaux neuronaux ;
- l'optimisation de la conception.

En mécanique appliquée, ils sont déjà utilisés dans quatre grands axes de recherche :

- l'optimisation de forme de structure (Chapman [51], Galante [58], Lin [65], Chen [52], Husbands [62]) : la topologie de structures bidimensionnelles ou tridimensionnelles est optimisée sous contraintes de masse et de déplacement minimum en réponse à une force statique ;

- la détection d'endommagements (Friswell [55]) : l'objectif est de localiser les défauts dans une structure à partir de données mesurées ;
- le placement optimal d'amortisseurs (Furuya [57]) : des éléments dissipatifs sont disposés pour atténuer les vibrations, par exemple sur les grandes structures spatiales ;
- l'identification paramétrique : l'adéquation entre calcul et mesure passe par l'estimation de paramètres physiques optimaux ; cette opération intéresse aussi bien l'élastodynamique (Larson [63], Nair [70], Worden [80]), la plasticité et la viscoplasticité (Furukawa [56]) que la physique moléculaire (Carroll [50]).

Dans ce dernier axe de recherche, des études récentes (Cogan [53], Cunha [54]) ont montré le fort potentiel des algorithmes évolutionnaires à fournir des valeurs de paramètres très satisfaisantes comme solutions du recalage. A la suite de cela, les travaux présentés dans les pages suivantes portent sur la définition d'une méthode la plus adaptée possible à l'identification paramétrique des modèles industriels de grande taille, sur la base de considérations propres au champ d'application et de l'état de l'art en matière de programmation évolutionnaire.

Une comparaison des algorithmes génétiques et des programmes évolutionnaires est d'abord présentée, puis vient une revue des opérateurs de calcul, les organes moteurs de la méthode de recherche. La validation de l'algorithme proposé est ensuite effectuée sur une fonction mathématique recréant approximativement le comportement d'une fonction coût de recalage. Finalement, le recalage d'un modèle d'environ 50000 ddl illustre, sous plusieurs configurations, l'intérêt d'une telle méthode.

Chapitre 1

Description de la méthode

1.1 Principes des techniques de calcul évolutionnaire

Deux des formes les plus courantes des techniques de calcul évolutionnaire vont maintenant être brièvement décrites. Il s'agit des algorithmes génétiques et des programmes évolutionnaires.

1.1.1 Algorithmes génétiques

Les algorithmes génétiques, tels qu'ils sont largement appliqués dans de nombreux secteurs des sciences pour l'ingénieur, dérivent des études menées par Holland [61]. Le caractère génétique vient du fait que les algorithmes reproduisent de façon très simplifiée le principe d'évolution de la théorie darwinienne qui suppose que seuls les individus les plus adaptés à leur environnement survivent et ont une descendance. C'est en quelque sorte une métaphore de l'évolution naturelle, doublée d'eugénisme, des espèces vivantes qui constitue les fondements de ce type d'optimisation.

Les algorithmes génétiques tentent de trouver l'optimum d'une fonction coût en gérant en parallèle une population de solutions potentielles dans l'espace de recherche. La population est d'abord constituée au hasard puis évolue au gré d'opérateurs stochastiques et déterministes. Chaque solution potentielle, considérée comme un individu à part entière, est amenée à subir des transformations aléatoires, à échanger des informations, et à être comparée aux autres par le biais de son niveau d'adaptation, c'est-à-dire de la valeur correspondante de la fonction coût. Les meilleures sont sélectionnées pour le tour suivant, et après un certain nombre de générations, l'évolution a joué en faveur

d'une répartition des solutions potentielles sur la région la plus prometteuse : celle de l'optimum global. Pour décrire le processus un peu plus en détail, considérons un algorithme génétique simple qui repose sur cinq phases élémentaires.

- Codage : chaque paramètre est codé en base binaire sur q bits. Une variable continue ne peut donc prendre que 2^q valeurs à l'intérieur de la boîte de contrainte. Un individu de la population est obtenu en concaténant les chaînes de 0 et de 1 codant les différents paramètres.
- Évaluation : chaque individu se voit attribuer une mesure de son adaptation, calculée à partir de la fonction objective à minimiser ou maximiser. Aucun gradient ou autre estimation n'est nécessaire.
- Sélection : on opère une sélection parmi les individus pour désigner ceux qui vont produire les membres de la prochaine génération. Les meilleurs, au sens de l'adaptation, ont plus de chance d'être choisis, même plusieurs fois.
- Croisement (ou crossover) : une fois que des paires de parents sont désignées, une opération de croisement est mise en œuvre. Une partie de la chaîne binaire est échangée entre les deux parents, créant ainsi deux nouveaux individus.
- Mutation : intervenant avec une faible probabilité d'occurrence, un mécanisme aléatoire perturbe un ou plusieurs bits de la chaîne binaire des enfants. L'opérateur de mutation sert à maintenir un certain niveau de diversité dans la population.

On trouvera en [77] et [73] une documentation utile et en [74] une revue des logiciels qui exploitent les algorithmes génétiques.

1.1.2 Programmes évolutionnaires

Presque entièrement basés sur les développements des algorithmes génétiques, les programmes évolutionnaires en diffèrent pourtant sur de nombreux points.

- Abandonnant le codage binaire, ils représentent les individus de la population génétique par des vecteurs de nombres réels. Les paramètres peuvent varier de façon parfaitement continue.
- Le processus de sélection n'est pas le même. Alors que les algorithmes génétiques sélectionnent τ parents pour créer par croisement et mutation τ enfants qui les

remplacent totalement dans la population, les programmes évolutionnaires génèrent λ enfants à partir de τ parents puis sélectionnent la nouvelle population en prenant les τ meilleurs parmi l'ensemble de taille $\tau + \lambda$.

- Les probabilités de crossover et de mutation, au lieu d'être constantes, peuvent varier au cours des générations.

1.1.3 Discussion

Des comparaisons entre ces deux formes de techniques de calcul évolutionnaire ont déjà été réalisées (Michalewicz [67]), sur des critères de performance et de largeur du domaine d'application. Il en ressort que la représentation des individus par des nombres réels procure une plus grande rapidité d'exécution et une meilleure précision dans l'approche de l'optimum. Les observations semblent cependant aller dans le sens d'une certaine égalité dans la compétition qui les anime, l'une a emprunté des idées à l'autre et inversement, et finalement c'est toute l'architecture de l'algorithme et des opérateurs adaptés au problème qui font que l'optimisation réussit. Dans la suite, on choisit de s'orienter plutôt du côté des programmes évolutionnaires.

1.1.4 Bases théoriques

La question est de savoir pourquoi ce type de méthode de recherche directe réussit à converger. Pour l'expliquer, Holland ([61]) développa le concept de schèmes au sein des algorithmes génétiques. Il s'agit d'une similarité qu'on retrouve dans les chaînes binaires de plusieurs individus et qui s'écrit avec des 0, des 1, ou des \diamond pour symboliser aussi bien un 0 qu'un 1. Par exemple, si on considère des individus codés sur 4 bits, le schème $[10\diamond\diamond]$ identifie les individus $[1000]$, $[1001]$, $[1010]$, et $[1011]$. Holland stipula le théorème de convergence des schèmes :

$$h(\mathcal{S})_{g+1} \geq h(\mathcal{S})_g \frac{\bar{f}(\mathcal{S})_g}{\bar{f}_g} (1 - \varepsilon) \quad (\text{II.1.1})$$

\mathcal{S} est un schème, $h(\mathcal{S})_g$ et $h(\mathcal{S})_{g+1}$ représentent le nombre d'individus vérifiant ce schème à la génération g et $g + 1$, $\bar{f}(\mathcal{S})_g$ est la moyenne des valeurs d'adaptation des $h(\mathcal{S})_g$ individus concernés, \bar{f}_g est la moyenne des valeurs d'adaptation de tous les individus de la génération g , et $\varepsilon \ll 1$. Le théorème signifie que le nombre d'exemplaires d'un schème dont l'évaluation est en moyenne meilleure que la moyenne totale augmente génération après génération. Il est probable que ce schème est favorisé car il est caractéristique d'un optimum de la fonction coût.

Il faut souligner que le théorème II.1.1 n'est valide que sous un certains nombres de conditions relatives aux opérateurs de sélection, crossover et mutation. Aucune preuve formelle n'existe quant à la convergence des algorithmes génétiques plus complexes ou des autres méthodes évolutionnaires en général, et l'objectif du travail présenté dans ce document n'est pas d'en fournir une.

1.2 Spécificités liées au recalage

L'objectif de cette partie du mémoire est d'appliquer un programme évolutionnaire au problème de l'identification paramétrique. Le fait d'optimiser une fonction coût de recalage implique certaines difficultés et rend nécessaire un approfondissement de la réflexion au sujet des buts à atteindre et des moyens à mettre en œuvre.

1.2.1 Optimisation multimodale

Un problème d'optimisation est qualifié de multimodal lorsque la fonction objective associée possède plusieurs optima dignes d'intérêt, c'est-à-dire plusieurs solutions pour lesquelles la valeur de la fonction est en dessous (pour une minimisation) d'un certain seuil. En pratique, la plupart des fonctions complexes, qui ne s'expriment pas par une équation analytique comme c'est le cas pour l'identification paramétrique, sont multimodales à un degré plus ou moins fort et sont caractérisées par un minimum et d'autres bonnes solutions pas forcément voisines.

Pourquoi s'intéresse-t-on à ces autres solutions? Le fait de trouver le minimum peut paraître suffisant, mais avec les méthodes de recherche directe, rien ne garantit qu'il s'agit bien du minimum, ce n'est que la meilleure solution trouvée. Donc il est préférable que l'algorithme fournisse également d'autres solutions en parallèle qui peuvent ensuite s'avérer être très proches du vrai minimum. De plus, du point de vue de l'interprétation des résultats en recalage, le chercheur pourra analyser plus finement l'influence des paramètres sur le comportement dynamique de la structure s'il a en main plusieurs bons vecteurs paramétriques.

Comment trouver de multiple optima du recalage? Une méthode d'optimisation mathématique classique, basée par exemple sur le gradient, converge inévitablement vers le plus proche optimum local, alors qu'un programme de recherche directe a beaucoup plus de chance de localiser le minimum global et éventuellement certains optima. Mais il faut souligner, au désavantage de la recherche directe, que la programmation

évolutionnaire est relativement mal adaptée à un raffinement des solutions trouvées, son fonctionnement aléatoire est par nature incapable de fournir les paramètres de l'optimum à une grande précision. Son rôle exact est donc plutôt de situer la ou les meilleures solutions, de déterminer le voisinage des optima, de déceler des régions prometteuses, afin qu'ensuite une méthode d'optimisation par gradient puisse affiner le résultat.

La localisation des optima proches dans l'espace des paramètres dépend de deux aspects : d'une part le type de résidu inclu dans la fonction coût, d'autre part le niveau d'incertitude sur les mesures. La résolution minimale de deux solutions potentielles peut être recherchée dans le concept de discernabilité de modèles déjà cité (Ayer [2]).

1.2.2 Prise en compte des contraintes

Les contraintes systématiquement imposées aux paramètres sont des contraintes de type boîte, définies par des limites minimales et maximales. Elles bornent l'espace paramétrique à explorer et sont relativement simples à mettre en œuvre.

Mais le respect des contraintes peut constituer une difficulté s'il existe des relations d'égalité, linéaires ou non linéaires, à l'intérieur d'un ensemble de paramètres. Le cas peut se produire en recalage si par exemple on désire garder constante la masse totale de la structure alors que la masse des macro-éléments varie. Autant que possible, il est préférable d'éviter l'introduction de telles contraintes dans un processus évolutionnaire. C'est parfois réalisable en éliminant les égalités pour ne conserver que les paramètres indépendants, l'optimisation y gagne alors en rapidité et en efficacité pour une même taille de population génétique, car l'espace de recherche est plus réduit.

Il faut noter que la programmation évolutionnaire s'adapte aisément à presque tous les problèmes non contraints, mais que la prise en charge des problèmes contraints s'effectue par des voies détournées, généralement des approches a posteriori car elles interviennent après génération des vecteurs de paramètres. La technique la plus courante, par pénalisation de la fonction coût, vise à désavantager les solutions paramétriques qui violent les contraintes en augmentant leur valeur d'adaptation. Son utilisation est rendue difficile par le fait que le choix du paramètre de pénalisation peut résulter sur l'obtention soit d'un excellent optimum infaisable, soit d'un optimum moyen dans la zone de faisabilité (voir Chen [52]). Une autre voie consiste à réparer les vecteurs paramétriques illégaux en ramenant le ou les paramètres fautifs à la frontière de la zone

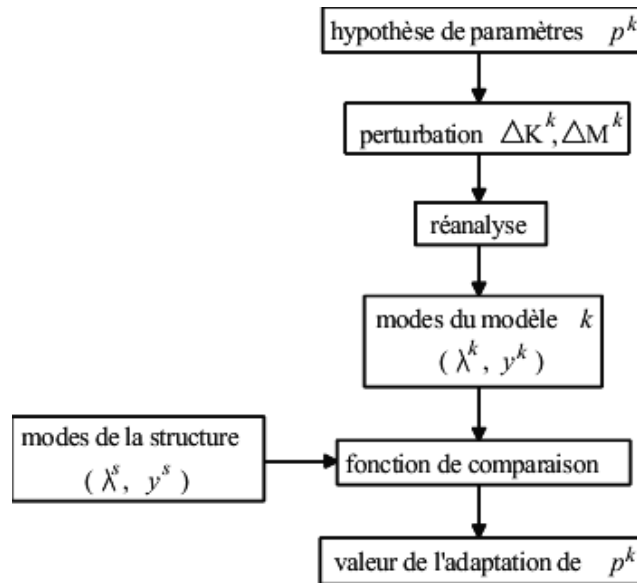


Figure II.1.1 : Organigramme d'évaluation d'un modèle k

faisable.

En conclusion, le recours à ces méthodes, de toute façon coûteuses et n'éliminant pas le gâchis, ne sera pas nécessaire dans le cadre du recalage qu'on souhaite effectuer, seules les bornes sur les paramètres seront utilisées.

1.2.3 Évaluation de la fonction coût

Dans le contexte d'une procédure de recalage, les multiples vecteurs constitués des valeurs de paramètres de conception actifs sont autant d'hypothèses de modèles analytiques. L'évaluation de la fonction coût pour chacun de ces modèles est l'étape décisive dont dépend le succès de l'identification des paramètres représentant au mieux le comportement de la structure. C'est aussi l'étape la plus coûteuse en calculs et traitements de données. Ce poids s'explique essentiellement par la nécessité de recourir à la résolution d'un problème aux valeurs propres.

La première partie de ce mémoire aborde ce problème et rappelle que la réanalyse exacte d'un modèle perturbé de grande taille est une opération coûteuse en ressources informatiques. Or la convergence d'un algorithme évolutionnaire n'est assurée qu'au prix de très nombreuses réanalyses. Il faut donc résolument se tourner vers un type de réanalyse approchée, seule solution pour éviter des calculs d'une durée rédhibitoire.

L'organigramme de la figure II.1.1 donne un exemple générique de fonction d'éva-

luation d'hypothèses de modèle. À partir d'un vecteur de paramètres, les perturbations en masse et en raideur sont construites et introduites dans le module de réanalyse afin d'obtenir un ensemble de formes propres du modèle. Leur comparaison avec les données modales issues de la structure fournit une distance qui est le critère d'adaptation de l'hypothèse de départ.

1.3 Présentation des opérateurs

L'ensemble des opérateurs du programme évolutionnaire proposé par la suite dans ce mémoire vont maintenant être décrits. Ils sont abordés dans l'ordre approximatif de leur apparition dans le processus d'optimisation et présentent des techniques aussi bien confirmées qu'innovantes. Par hypothèse, le contexte général dans lequel ils s'appliquent est une procédure de recherche directe adoptant le codage réel de ses solutions potentielles et ayant pour objectif la minimisation d'une fonction coût.

1.3.1 Initialisation de la population

Avant d'amorcer le processus évolutionnaire proprement dit, il convient de générer la population initiale dont la descendance convergera, on l'espère, vers des solutions paramétriques optimales. Cette opération est relativement simple, elle consiste à créer, grâce à un tirage aléatoire, τ vecteurs de p paramètres qui vérifient les contraintes liées au domaine de faisabilité. La distribution des paramètres est en général uniforme sur l'échelle linéaire mais peut aussi être rendue uniforme en échelle logarithmique.

En outre, l'utilisation d'informations a priori peut être envisagée, concernant notamment la distribution potentielle des optima. Dans ce cas, certains sous-ensembles de valeurs de paramètres sont privilégiés, la loi de distribution n'est plus uniforme. Mais il faut prendre soin de ne pas trop appauvrir la diversité de la population, car l'absence de solutions potentielles dans toutes les parties de l'espace \mathbb{R}^p risque de rendre caduc tout espoir de détection de l'optimum global.

Tout en gardant une loi de distribution uniforme, il est aussi possible de réserver des places dans la population initiale pour y incorporer des vecteurs de paramètres qui ont une signification particulière. C'est souvent le cas par exemple avec le vecteur codant l'état initial du phénomène observé. En recalage de modèles, comme le propose d'ailleurs Larson ([63]), le modèle analytique initial est représenté dans la population de départ et participe éventuellement à son évolution génétique.

1.3.2 Sélection en vue du croisement

La sélection visant à faire se rencontrer deux membres de la population en vue d'un croisement est une étape essentielle car elle détermine le contenu génétique des individus à venir. A ce niveau, le maintien d'un équilibre entre diversité et convergence vers des optima est essentiel, c'est ce qu'on nomme la pression de sélection : plus la pression est forte plus la diversité diminue. Les bons individus, au sens de l'adaptation à la fonction coût, se reproduisent plusieurs fois, et ce nombre de fois dépend de l'opérateur de sélection dont on donne ci-dessous deux variantes couramment utilisées.

- Sélection proportionnelle

La probabilité d'être sélectionné pour un membre v_i , dont l'adaptation vaut $f(v_i)$, est égale à :

$$\text{prob}(v_i) = \frac{1}{f(v_i)} \frac{1}{\sum_{m=1}^{\tau} \frac{1}{f(v_m)}} \quad (\text{II.1.2})$$

les rapports inverses s'expliquent par le fait qu'on agit dans le cadre d'une minimisation. Cette définition exerce une pression élevée, dans le sens d'une forte participation des meilleurs à la reproduction.

- Sélection par le rang

La présence de "super-individus" dans la population peut être une cause de convergence prématurée sur des optima locaux, ils empêchent les autres membres de contribuer à la création de la progéniture. Au lieu de baser la sélection sur l'adaptation, on la base sur le rang obtenu après rangement des valeurs d'adaptation dans l'ordre croissant. La probabilité du membre v_i de rang i d'être choisi comme parent est alors :

$$\text{prob}(v_i) = \frac{2(\tau - i + 1)}{\tau(\tau + 1)} \quad (\text{II.1.3})$$

cette définition laisse beaucoup plus de chance aux individus handicapés par une adaptation moyenne d'être pris comme parents.

1.3.3 Crossover

Le crossover est un des opérateurs stochastiques qui a fait le plus l'objet d'études afin d'optimiser son fonctionnement. Son objectif est de générer un ou deux nouveaux membres à partir de deux parents sélectionnés par l'étape précédente. Dans la suite, on note par v_1 et v_2 deux vecteurs parents, et par w_1 et w_2 les vecteurs enfants qu'ils font naître.

- Permutation à un point

Dérivé du crossover simple des algorithmes génétiques, ce type de crossover fait intervenir une position de coupure c obtenue en prenant la partie entière d'un nombre aléatoire a :

$$c = \text{int}(a) \quad \text{avec } 1 \leq a < p \quad (\text{II.1.4})$$

la progéniture est alors créée ainsi : w_1 est constitué des c premiers paramètres de v_1 et des $p - c$ derniers paramètres de v_2 , alors que w_2 hérite des c premiers de v_2 et des $p - c$ derniers de v_1 . En ce qui concerne la faisabilité des vecteurs w_1 et w_2 au sens du respect des contraintes sur les paramètres, elle n'est complètement assurée que si les paramètres possèdent le même domaine de variation.

- Crossover uniforme

Le crossover uniforme est capable de générer n'importe quelle combinaison des deux vecteurs parents en échangeant les paramètres plutôt que des segments de paramètres. Pratiquement, on effectue p tirages aléatoires d'un entier égal à 1 ou 2, ce qui détermine l'indice du parent qui transmet son bagage génétique à w_1 pour chaque paramètre, le complément est donné à w_2 . Cette procédure impose la même condition que précédemment sur la faisabilité des solutions.

- Crossover arithmétique

Le crossover arithmétique est défini comme une combinaison linéaire des deux vecteurs v_1 et v_2 , fonction d'un nombre aléatoire $a \in [0, 1]$:

$$\begin{aligned} w_1 &= av_1 + (1 - a)v_2 \\ w_2 &= (1 - a)v_1 + av_2 \end{aligned} \quad (\text{II.1.5})$$

On remarque que pour n'importe quels v_1 et v_2 appartenant au domaine de faisabilité, w_1 et w_2 sont également des solutions faisables.

- Crossover heuristique

Le crossover heuristique établit aussi une combinaison linéaire de v_1 et v_2 , mais la direction de recherche dépend des valeurs d'adaptation :

$$\begin{aligned} \text{si } f(v_1) > f(v_2) \text{ alors } w_1 &= a(v_2 - v_1) + v_2 \\ \text{sinon } w_1 &= a(v_1 - v_2) + v_1 \end{aligned} \quad (\text{II.1.6})$$

où $a \in [0, 1]$ est un nombre aléatoire. Le processus II.1.6 est ensuite répété pour générer w_2 . Mais il est possible qu'il fournisse un vecteur enfant infaisable, hors des limites du domaine autorisé. Dans ce cas, une autre valeur a est tirée jusqu'à ce que le vecteur créé soit faisable ou qu'un nombre maximum de tentatives soit atteint.

1.3.4 Mutation

La mutation est un opérateur qui intervient aléatoirement et qui fait subir un changement localisé à un individu issu du crossover. La mutation n'est pas systématique, elle a une probabilité μ de s'appliquer à un des p paramètres du vecteur, chaque paramètre a donc une chance égale de la subir. La valeur de μ est en général de l'ordre de grandeur de $\frac{1}{\tau}$, l'inverse de la taille de la population. Dans la suite, on note p_i un paramètre choisi dans le cadre du processus de mutation et soumis aux contraintes de boîte $b_{\inf} \leq p_i \leq b_{\sup}$.

- Mutation uniforme

La mutation uniforme fait évoluer p_i vers une valeur p'_i tirée au sort dans le domaine autorisé, selon un nombre aléatoire $a \in [0, 1]$:

$$p'_i = b_{\inf} + a(b_{\sup} - b_{\inf}) \quad (\text{II.1.7})$$

- Mutation non uniforme

L'opérateur peut être non uniforme, par exemple dépendant de l'âge de la population :

$$p'_i = \begin{cases} p_i + d(b_{\sup} - p_i) & \text{si } d > 0 \\ p_i + d(p_i - b_{\inf}) & \text{si } d < 0 \end{cases} \quad \text{avec } d = a \exp \left[\left(\frac{g}{G} \right)^\beta \ln(\alpha) \right] \quad (\text{II.1.8})$$

où a est un nombre aléatoire dans l'intervalle $[-1, 1]$, g le numéro de la génération courante, G le nombre total de générations, $\alpha < 1$ et $\beta > 1$ des paramètres de configuration. Il est clair que dans les premières générations, la mutation non uniforme s'apparente à la mutation uniforme, p'_i peut s'éloigner beaucoup de p_i . Quand l'algorithme parvient aux dernières générations, elle consiste en un saut aléatoire très localisé autour de p_i , permettant ainsi de raffiner une solution autour d'un éventuel optimum.

1.3.5 Sélection de la nouvelle population

Après avoir abordé les méthodes de sélection pour la reproduction, de crossover et de mutation, il est temps de parler de l'étape pendant laquelle s'effectue le renouvellement de la population. Partant en effet d'un ensemble de τ membres, l'opérateur de croisement génère un nouvel ensemble distinct de λ individus. Typiquement, on prend $\lambda = \tau$. L'évaluation de l'adaptation des λ solutions précède l'application de l'opérateur de sélection qui permet de garder une taille de population constante au cours des générations.

- Sélection familiale

A condition de tenir une sorte de registre des naissances, il est possible de réunir de nouveau les familles et de considérer les quatre réels $\{f(v_1), f(v_2), f(w_1), f(w_2)\}$. La règle est alors la suivante : la compétition est interne à la famille, la sélection consiste à garder les deux meilleurs parmi les quatre, c'est-à-dire les deux qui présentent la plus petite valeur de fonction d'adaptation.

- Sélection avec extinction

Une autre philosophie de la sélection est basée sur la sauvegarde de la progéniture : le processus sélectionne une nouvelle population de τ membres à partir des λ enfants uniquement. De ce fait, la durée de vie de chaque individu est limitée à une génération, ce qui favorise la résolution des problèmes dans lesquels le minimum se déplace avec le temps mais désavantage le phénomène de raffinement d'une bonne solution.

- Sélection globale élitiste

Afin de s'assurer que la moyenne des évaluations d'adaptation n'augmente pas d'une génération à l'autre, comme cela peut se produire avec la sélection précédente, la sélection doit s'opérer sur l'ensemble $(\tau + \lambda)$: on retient les τ meilleurs membres parmi les $(\tau + \lambda)$. Cette stratégie rend certaine la survie des parents les plus adaptés, elle est donc qualifiée d'élitiste.

1.3.6 Estimation de la distribution des paramètres

Parce qu'on a choisi de coder les valeurs des paramètres en réel, on autorise des variations continues de ceux-ci dans leur domaine de faisabilité sous l'action des opérateurs stochastiques. Au cours des générations, ils se déplacent et migrent dans des zones privilégiées de l'espace \mathbb{R}^p . Dans le but de connaître la répartition spatiale des membres de la population dans \mathbb{R}^p , il est devenu nécessaire d'établir une carte indiquant, paramètre par paramètre, pour quelles valeurs on observe les plus fortes densités d'individus.

L'étude de ces informations repose sur une estimation de la distribution des paramètres. Pratiquement, une discrétisation du domaine $\mathcal{B} = [b_{\inf}, b_{\sup}]$ d'un paramètre p_i est nécessaire : \mathcal{B} est échantillonné en n_b bandes d'analyse de largeur δb . Il suffit ensuite de compter, à l'échelle de la population, le nombre de fois que le paramètre p_i

est observé à l'intérieur de chaque bande pour obtenir les informations désirées. L'expression de la densité de p_i dans la bande numéro k peut s'écrire de la façon suivante :

$$\rho(p_i)_k = \text{card}(\{p_i \mid b_{\text{inf}} + (k-1)\delta b < p_i \leq b_{\text{inf}} + k\delta b\}) \quad k = 1(1)n_b \quad (\text{II.1.9})$$

L'examen des valeurs de ρ obtenues sur tout le domaine \mathcal{B} fournit des indications intéressantes sur les tendances d'évolution de p_i , notamment lorsqu'un nombre significatif de générations a déjà été traité :

- si le paramètre se distribue de façon uniforme ou erratique, on peut en conclure qu'il représente une variable relativement insensible vis-à-vis de la fonction coût ;
- si au contraire une dominance apparaît clairement dans une des bandes, alors les valeurs paramétriques correspondantes sont celles qui ont la plus forte probabilité de sortir par croisement et celles qui caractérisent sûrement le minimum de la fonction ;
- la présence de plusieurs pics peut indiquer que des minima locaux ont été repérés au cours de la recherche.

1.3.7 Insertion de l'individu le plus probable

Les informations collectées par l'étape précédente permettent de développer un mécanisme original qui consiste à générer un vecteur de paramètres artificiellement et à l'inclure dans la population en vue d'obtenir si possible une amélioration spontanée de la meilleure valeur d'adaptation et donc de converger plus vite.

Pour commencer, on évalue la distribution de chaque paramètre sur son domaine de variation. Le comptage ne s'effectue pas sur la base de la population complète mais plutôt sur un sous-ensemble contenant un nombre $n_m < \tau$ des meilleurs individus, ce qui exclut toute participation des solutions médiocres à la création de l'individu spécial et optimise son élaboration. Le choix de n_m peut être basé sur plusieurs critères :

- le rapport $\frac{n_m}{\tau}$ est constant au cours des générations ;
- le rapport $\frac{n_m}{\tau}$ augmente au cours des générations, il permet ainsi la prise en compte de plus en plus de membres, en accord avec le phénomène d'enrichissement moyen de la population ;

- n_m est le nombre des membres v_i qui satisfont la condition $\frac{f(v_i)}{\gamma \times f(v_1)} \leq tol$, où $f(v_1)$ est l'évaluation de la meilleure solution, γ un coefficient multiplicateur, et tol un facteur de tolérance.

Ensuite, l'examen de la distribution d'un paramètre p_i définit l'indice k de la bande dans laquelle s'agglutinent le plus d'individus. Si plusieurs bandes possèdent la même densité, un tirage au sort est effectué pour n'en retenir qu'une seule. L'individu le plus probable peut alors être construit selon la règle suivante :

$$\bar{p}_i = b_{\inf} + (k - 1) \delta b + a \delta b \quad (\text{II.1.10})$$

$a \in [0, 1]$ est un nombre aléatoire. Plutôt que la valeur médiane, le paramètre \bar{p}_i prend n'importe quelle valeur à l'intérieur de la bande d'échantillonnage k de largeur δb , cela afin de permettre une plus grande part de risque dans le choix de cette solution potentielle, surtout si la même distribution des paramètres se maintient durant quelques générations. A ce titre, il est préférable que le calcul de la distribution ne repose pas sur un δb trop petit dans le but de faciliter l'émergence d'un pic.

Finalement, le vecteur paramétrique ainsi créé est évalué par le biais de la fonction coût et est incorporé à la population en prenant la place de celui qui a la plus mauvaise évaluation à ce moment-là.

1.3.8 Contrôle des niches

Alors que juste après l'initialisation, les membres de la population sont globalement dispersés dans tout l'espace des paramètres, graduellement, sous le double effet des croisements et de la sélection, ils convergent vers des régions prometteuses où ils commencent à former des amas. Ce phénomène d'agglomération est en même temps utile et nuisible :

- Ces zones concentrent un ensemble de caractéristiques génétiques très intéressantes, elles sont d'ailleurs qualifiées de niches écologiques (Goldberg [59]). Elles sont la source d'une diversité à l'échelle de la population et doivent si possible être préservées dans l'optique de la recherche d'optima locaux.
- En revanche, si la taille des niches n'est pas surveillée, il peut se produire un phénomène d'absorption, les niches les plus faibles en terme d'adaptation à la fonction coût disparaissent au profit des plus adaptées, puis de la plus forte. Cette dernière engendre rapidement une vaste population de membres similaires.

Or la création d'un grand nombre de quasi-sosies qui se reproduisent présente peu d'intérêt pour l'optimisation.

Le défi consiste à obtenir un bon équilibre entre l'exigence de converger vite vers un bon minimum, de préférence le minimum global, et la nécessité de garder des options pour l'avenir afin de dénicher éventuellement une meilleure solution. Par conséquent, il est indispensable de disposer d'un bon outil de mesure de la densité des niches et d'un moyen d'intervention judicieux qui évitent les niches trop compactes.

La détection des niches repose sur le calcul de la distance euclidienne entre toutes les paires (v_i, v_j) de membres de la population, ramenée à la distance maximale à l'intérieur de la boîte de contraintes :

$$d_{ij} = \frac{\|v_i - v_j\|}{\|b_{\text{sup}} - b_{\text{inf}}\|} \times 100 \quad i, j = 1 (1) \tau \quad (\text{II.1.11})$$

Si, pour $i \neq j$, $d_{ij} \leq \zeta$, avec ζ un certain coefficient de résolution, alors les individus v_i et v_j sont déclarés voisins et constituent à eux deux une niche. De proche en proche, on trouve d'autres individus qui sont aussi dans le même voisinage.

Dès que des niches sont détectées, un mécanisme de contrôle doit s'activer pour limiter leur développement. C'est le rôle des deux techniques présentées ci-dessous.

- Technique de pénalisation

Cette technique fait intervenir une modification de la valeur d'adaptation de chaque membre d'une niche. Son fonctionnement est basée sur une fonction de partage (Goldberg [59], Michalewicz [67], Lin [65]) définie pour quantifier le voisinage et le degré de partage des individus de la niche. Concrètement, l'évaluation $f(v_i)$ d'un membre v_i quelconque devient $f(v_i)'$ tel que :

$$f(v_i)' = f(v_i) \times S_i \quad (\text{II.1.12})$$

$$\text{avec } S_i = \sum_{j=1}^{\tau} s(v_i, v_j) \quad (\text{II.1.13})$$

$$s(v_i, v_j) = \begin{cases} 1 - \left(\frac{d_{ij}}{\zeta}\right)^\alpha & \text{si } d_{ij} \leq \zeta \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.1.14})$$

s est une fonction de partage qui dépend de la distance entre deux individus et des constantes ζ et α . Si v_i est relativement isolé (comparativement à la constante ζ), alors

$S_i = 1$. Sinon, $S_i \geq 1$ et S_i augmente proportionnellement au nombre et à la proximité des voisins de v_i .

La pénalisation de l'adaptation des individus trop regroupés cause, à la génération suivante, une dégénérescence des niches. Le renouvellement de la population est facilité dans les zones non peuplées.

- Technique de remplacement optimal

Une technique originale, très différente de la précédente sur le principe, a été imaginée afin de favoriser encore plus le brassage génétique, en particulier au moment de la prise en charge d'une niche trop compacte. Véritable opérateur stochastique, il consiste à remplacer les individus d'une niche par d'autres générés aléatoirement par une méthode de mutation obéissant à la probabilité de distribution optimale des paramètres établie précédemment.

Soit une niche composée des individus u_i , $i = 1(1)n_u$. Avant d'entamer toute opération de transformation, il est nécessaire de posséder une mesure de sa compacité afin de fixer un seuil. Le critère retenu repose sur le calcul de la moyenne des distances au sein du groupe :

$$\frac{2}{n_u(n_u - 1)} \sum_{i=1}^{n_u-1} \sum_{j=i+1}^{n_u} d_{ij} \leq \eta \quad (\text{II.1.15})$$

η est le seuil en dessous duquel la niche est considérée comme trop dense. Si le test II.1.15 est vérifié, alors la décision est prise de disperser les individus de la niche.

Le meilleur élément de la niche, u_1 , est conservé tel quel dans la population, pour ne pas rendre vain l'effort de recherche consenti jusque-là. En outre, un membre spécial est créé, il correspond au barycentre de la niche :

$$u_b = \frac{1}{n_u} \sum_{i=1}^{n_u} u_i \quad (\text{II.1.16})$$

En ce qui concerne les $n_u - 2$ autres individus de la niche, ils sont remplacés par autant de mutations de u_1 . Pour chacun d'eux, le paramètre p_i qui subit la mutation est tiré au sort avec la même probabilité pour tous les paramètres d'être choisis. La nouvelle valeur p'_i qui est attribuée à p_i n'est pas basée sur la relation de mutation uniforme ou non uniforme comme dans le paragraphe 1.3.4, mais dépend de la distribution de p_i dans son domaine de variation. Ainsi, une bande d'échantillonnage k est tirée aléatoirement selon une probabilité proportionnelle à sa densité (équation II.1.9) :

$$\text{prob}(k) = \frac{\rho(p_i)_k}{\sum_{l=1}^{n_b} \rho(p_i)_l} \quad (\text{II.1.17})$$

Finalement p'_i est simplement déterminé au hasard dans la bande k à l'aide d'un nombre aléatoire $a \in [0, 1]$:

$$p'_i = b_{\inf} + (k - 1) \delta b + a \delta b \quad (\text{II.1.18})$$

Les nouveaux individus issus des manipulations précédentes sont ensuite évalués et inclus dans la population, en remplacement de ceux de la niche dissoute.

Cette technique de gestion des niches est en général efficace pour trouver le minimum global de la fonction ou des optima intéressants, surtout si les optima locaux déjà localisés ne diffèrent que sur la valeur d'un seul paramètre. L'inconvénient majeur est le surcoût important en calcul d'évaluations.

1.3.9 Réduction du nombre des évaluations

Le bon rendement d'un algorithme évolutionnaire ne doit pas faire oublier qu'il n'explore qu'une faible fraction de l'espace \mathbb{R}^p . Pourtant, le nombre d'évaluation de la fonction coût est important et constitue un souci permanent dans les cas où une seule évaluation requiert un temps non négligeable. Il est donc légitime de tenter d'abaisser encore ce nombre, à la condition que l'efficacité de l'optimisation n'en souffre pas. Or justement des économies sont possibles, l'idée repose sur le principe suivant : si une solution paramétrique, bonne ou mauvaise, a été trouvée au cours des générations, il ne sert à rien de la redécouvrir à nouveau. La mise en œuvre pratique d'une technique qui permet d'éviter le gâchis est développée ci-dessous.

La technique de gestion de l'historique suppose, à chaque génération, une connaissance complète des points évalués précédemment. Intimement liée à la notion de raffinement de l'optimisation, elle sera susceptible de s'opposer à l'évaluation d'un membre de la population trop proche d'un autre déjà connu. Dans cet objectif, on introduit le vecteur δv définissant des petites variations paramétriques :

$$\delta v = \{\delta p_i, i = 1(1)p\} \quad (\text{II.1.19})$$

$$\delta p_i = (b_{\sup} - b_{\inf}) \times \varepsilon_{p_i} \quad (\text{II.1.20})$$

où ε_{p_i} est un coefficient de résolution qui peut être différent pour chaque paramètre afin de tenir compte de leur sensibilité si elle est connue. On définit aussi l'ensemble \mathcal{H} , l'historique des générations, qui contient tous les individus ayant été évalués depuis la première étape de l'optimisation, à savoir l'initialisation de la population. Le cœur de la méthode proposée est le test qui autorise ou non l'évaluation d'un individu v_i issu

par exemple d'un croisement :

$$\begin{cases} \text{si } \nexists u \in \mathcal{H} \quad / \quad v_i - \delta v \leq u \leq v_i + \delta v & \text{alors évaluer } v_i \\ \text{sinon ignorer } v_i \end{cases} \quad (\text{II.1.21})$$

Si l'évaluation est rejetée, v_i n'est pas incorporé à la population. Si elle est effectuée, alors v_i est aussitôt inclus dans \mathcal{H} pour que l'algorithme possède un enregistrement de son existence, même brève, en tant que solution potentielle qui a été évaluée.

La confrontation, avant évaluation, de chaque nouvel individu avec la table de l'historique est une opération peu onéreuse et procure finalement une substantielle économie en coût de calcul. Cette technique ne s'apparente pas à une discrétisation de l'espace paramétrique, comme celle qu'exige l'emploi de la formulation de base des algorithmes génétiques, car aucunes valeurs discrètes ne sont imposées aux paramètres. Elle se rapproche plutôt de la stratégie de liste taboue accompagnée d'un effet mémoire permanent.

Le choix de la constante ε_{p_i} doit être en accord avec celui de η de l'équation II.1.15 : il est préférable de prendre $\varepsilon_{p_i} < \eta$ pour continuer de former des niches tout en filtrant les individus trop semblables à ceux déjà évalués.

1.3.10 Critères de convergence

Pour finir, on peut se pencher brièvement sur le dernier opérateur mis en œuvre, le test de convergence. Une des principales difficultés dans l'application d'une programmation évolutionnaire est en fait de savoir comment l'arrêter. A moins de fonctionner en mode interactif, il est bon de disposer d'un mécanisme automatique coupant la boucle itérative. Notons que la recherche directe possède le remarquable privilège de ne jamais diverger car une bonne solution découverte est en principe préservée jusqu'à la fin, on ne se préoccupe donc pas de dépister une évolution divergente.

- Nombre maximal de générations

Avec cette option, on fixe à l'avance un nombre de générations à atteindre. A utiliser quand des essais préalables ont déjà été effectués et que le taux de convergence est relativement stable.

- Critère sur l'évolution du meilleur individu

Le suivi du meilleur membre v_1 de la population et de son évaluation fournit aussi un critère d'arrêt. Si, pendant n_g générations consécutives jusqu'à la génération courante

g , le déplacement de v_1 dans l'espace \mathbb{R}^p ou la variation de $f(v_1)$ ne dépasse pas un certain seuil donné, alors l'algorithme doit se terminer :

$$\begin{aligned} &\text{si } \|v_1^k - v_1^{k-1}\| \leq \varepsilon_v \text{ ou } |f(v_1^k) - f(v_1^{k-1})| \leq \varepsilon_f, \quad k = (g - n_g + 1)(1)g \\ &\text{alors fin} \end{aligned} \tag{II.1.22}$$

En particulier, si $\varepsilon_f = 0$, on décide de s'arrêter si aucune amélioration sur la meilleure solution trouvée n'est constatée pendant n_g générations, quelle que soit sa localisation dans \mathbb{R}^p .

- Critère de diversité

L'examen du contenu génétique de la population courante permet également de définir un critère de fin. En effet, si tous les individus se ressemblent, l'optimisation ne progresse qu'à l'aide du relativement inefficace (par comparaison avec le crossover) opérateur de mutation.

1.3.11 Synthèse

Les mécanismes qui assurent le fonctionnement des algorithmes évolutionnaires abondent dans la littérature sous des formes plus ou moins semblables. C'est pourquoi il est nécessaire de mettre en relief le contenu de notre contribution. Les innovations proposées se trouvent principalement dans les points suivants (qui viennent d'être exposés) :

- l'estimation de la distribution des paramètres ;
- l'insertion de l'individu le plus probable ;
- le contrôle des niches par la technique du remplacement optimal ;
- la réduction du nombre d'évaluations par la technique de gestion de l'historique.

Chapitre 2

Applications numériques

Le premier chapitre a permis de décrire dans le détail un certain nombre de techniques courantes ou innovantes dans le domaine de la programmation évolutionnaire. Le présent chapitre va les appliquer et les confronter à la recherche de solutions minimisant une fonction coût. Deux applications numériques sont présentées ci-dessous.

Le premier test implique une fonction coût dont l'équation analytique et le minimum sont connus. L'objectif est de qualifier certaines techniques afin d'aboutir à un algorithme dont on aura choisi chaque étape importante par des mesures objectives. Le second test est la mise en œuvre d'une méthode d'identification de paramètres de conception d'une structure mécanique en utilisant l'algorithme optimisé défini précédemment. Dans ce deuxième test, la fonction à minimiser n'a pas d'expression analytique connue et constitue un coût en calcul très élevé dont il faut savoir tenir compte en justifiant de l'utilisation de techniques spécifiques.

2.1 Qualification d'une procédure évolutionnaire

2.1.1 Présentation de la fonction à optimiser

La fonction mathématique qu'on va chercher à minimiser est la suivante :

$$\begin{aligned} F & : \mathbb{R}^6 \longrightarrow \mathbb{R} \\ F & = f(x_1, x_2 - 5) + f(x_3, x_4) + f(x_5, x_6 + 5) \end{aligned} \quad (\text{II.2.1})$$

où la fonction f , déjà utilisée par Lin ([65]) comme exemple illustratif sous une forme légèrement différente, a pour expression :

$$f : \mathbb{R}^2 \longrightarrow \mathbb{R}$$

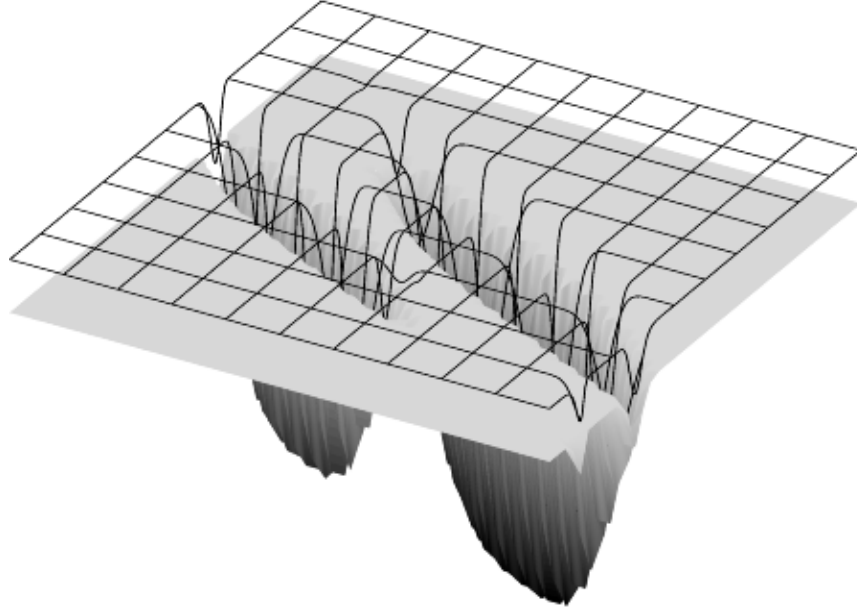


Figure II.2.1 : Fonction mathématique

$$\begin{aligned}
 f(\varkappa_1, \varkappa_2) = & 10 - \{10 \exp(-[0,03(\varkappa_1 - 3)^4 + 0,03(\varkappa_2 - 3)^4]) \quad (\text{II.2.2}) \\
 & + 7 \exp(-[0,08(\varkappa_1 - 4)^4 + 0,4(\varkappa_2 + 7)^4]) \\
 & + 8 \exp(-[0,08(\varkappa_1 + 5)^4 + 0,08(\varkappa_2 + 5)^4])\}
 \end{aligned}$$

En outre, on définit une relation entre les variables x_i arguments de F et les paramètres p_i d'un membre de la population génétique :

$$\begin{bmatrix} x_1 \\ x_2 \\ x_3 \\ x_4 \\ x_5 \\ x_6 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -1 & -1 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ -1 & -2 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 2 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 2 & 4 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} p_1 \\ p_2 \\ p_3 \\ p_4 \\ p_5 \\ p_6 \end{bmatrix} \quad (\text{II.2.3})$$

et les contraintes sont :

$$-10 \leq p_i \leq 10 \quad i = 1(1)6 \quad (\text{II.2.4})$$

La figure II.2.1 fournit une représentation de la fonction F dans l'espace tridimensionnel, obtenue en faisant varier par exemple x_3 et x_4 . On y voit la présence de deux profondes vallées entourées d'une région sans relief.

La sommation dans l'équation II.2.1 permet de créer dans \mathbb{R}^6 un minimum global et de nombreux autres minima locaux de moindre importance. La translation sur certains termes de II.2.1 et les termes de la matrice de passage dans II.2.3 sont choisis de telle sorte que la recherche des optima ne bénéficie pas d'une symétrie entre les trois paires

de paramètres p_i et soit rendue moins aisée. Le minimum de F est atteint avec les paramètres suivants :

$$\hat{p} = \begin{bmatrix} 2 & -5 & 3 & 0 & 4 & -2,5 \end{bmatrix} \quad (\text{II.2.5})$$

lesquels annulent F . Le maximum de F aussi est connu, ce qui permet de construire une fonction coût bornée entre 0 et 1.

Pour frapper les esprits, voici le nombre d'évaluations de F si on choisissait d'adopter une méthode de recherche systématique pour trouver \hat{p} dans le sous-ensemble de \mathbb{R}^6 défini par les contraintes II.2.4 : 85766121 si le pas de variation des paramètres est 1, et $6,5944 \times 10^{13}$ si le pas vaut 0,1 ! Le premier cas peut être traité par un ordinateur en un temps limité mais la résolution est trop grossière, le second est irréaliste.

2.1.2 Présentation des tests

Il est envisagé d'effectuer 10 tests en tout afin de choisir les opérateurs et les procédures les plus efficaces et de faire ressortir la meilleure structure algorithmique pour l'optimisation des fonctions multimodales. Le point d'égalité de tous les tests est qu'ils se déroulent sur un nombre fixé d'itérations, la performance sera alors mesurée sur 3 critères :

- la capacité à trouver une solution la plus proche possible du minimum de la fonction;
- la découverte du plus grand nombre d'autres solutions intéressantes;
- un prix raisonnable en nombre d'évaluations de fonction coût.

Les résultats des 10 tests vont être confrontés dans le cadre de 6 tours de comparaison au terme desquels on doit être en mesure de retenir ou de disqualifier telles ou telles techniques. Les tests s'appuient sur autant de configurations qui sont progressivement affinées et sophistiquées. Le thème et les objectifs des comparaisons des tests sont les suivants :

1. Choix de la technique de crossover : sur la base d'un algorithme évolutionnaire standard (sélection sur l'adaptation pour le crossover, mutation uniforme), 3 crossovers sont successivement essayés, il s'agit du crossover par permutation à un point et des crossovers arithmétique et heuristique.

2. Choix d'une valeur de probabilité de mutation : en utilisant le crossover vainqueur du match précédent, on fait varier le coefficient de probabilité de mutation, 0,02, 0,05 puis 0,08.
3. Intégration de l'élément le plus probable : le meilleur crossover et coefficient de mutation étant choisis, on mesure l'impact de l'intégration dans la population d'un individu optimal.
4. Choix d'un type de sélection pour le crossover : la sélection basée sur l'adaptation est confrontée à la sélection par le rang afin de retenir celle qui offre le meilleur compromis entre diversité et pression de sélection.
5. Efficacité du contrôle des niches et du système de limitation du nombre d'évaluations : on recherche la configuration qui donne satisfaction sur les 3 critères évoqués ci-dessus, en détectant la formation des blocs denses dans l'espace des paramètres et en activant l'accès à l'historique de la population.
6. Comparaison finale de deux techniques de prise en compte des niches : par pénalisation et par remplacement des membres des niches.

Les modalités des tests sont les suivantes :

nombre de membres dans la population	50
nombre de générations	15
nombre de lancers	10

Puisque les programmes évolutionnaires sont intrinsèquement des méthodes de recherche aléatoire, les performances doivent en partie à la chance. C'est pourquoi chaque configuration est testée 10 fois de suite, afin que statistiquement les résultats aient un sens, dégagent une tendance sûre, et qu'ils dépendent largement des techniques choisies et non du hasard. Les évolutions dévoilées dans le paragraphe suivant sont donc des moyennes calculées sur les 10 lancers. Les écarts quadratiques moyens correspondant sont présentés à la fin.

Le nombre de 15 générations est choisi sur la base de quelques essais préliminaires. Il est suffisant pour atteindre un début de convergence sur la solution optimale.

2.1.3 Résultats

Les tests numériques s'effectuent très rapidement, chacun dure environ 2 minutes, une seule évaluation de la fonction F dure 10 millisecondes¹.

¹Sur station HP9000 715/75 avec 256 Mo de RAM

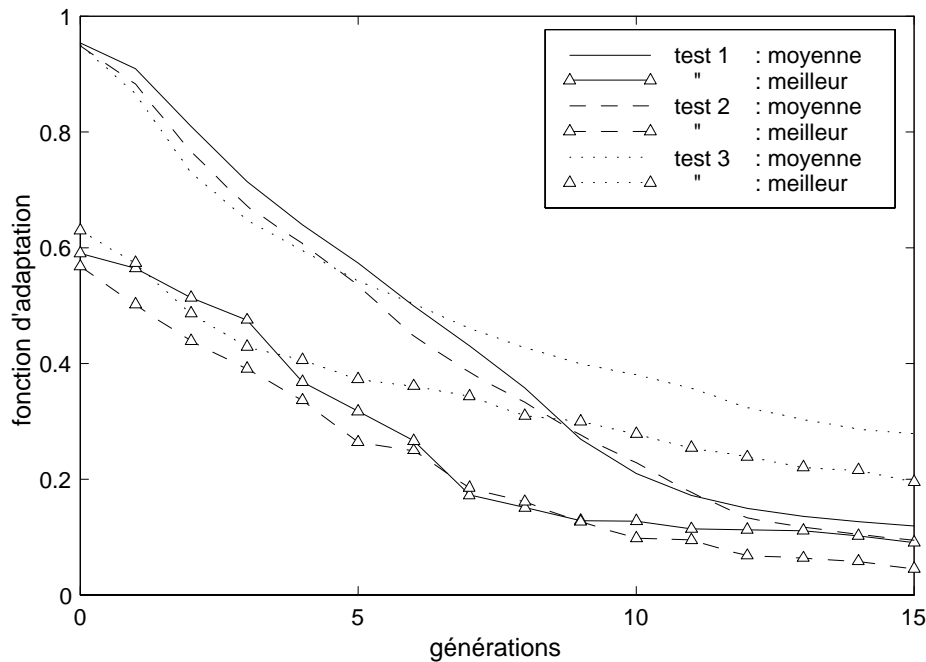


Figure II.2.2 : Première comparaison

Le tableau suivant récapitule la configuration des 3 premiers tests :

1^{ère} comparaison

point commun : probabilité de mutation de 5 %

test	caractéristiques
test 1	crossover par permutation
test 2	crossover arithmétique
test 3	crossover heuristique

La figure II.2.2 montre pour chaque test l'évolution sur les générations de la moyenne de la fonction d'adaptation des 50 membres et l'évolution de la meilleure valeur obtenue jusqu'alors. Il en ressort que le tournoi est à l'avantage du crossover arithmétique, c'est le moteur d'exploration le plus performant, alors que le crossover heuristique ne donne pas satisfaction.

2^{ème} comparaison

point commun : crossover arithmétique

test	caractéristiques
test 4	probabilité de mutation de 2 %
test 2	probabilité de mutation de 5 %
test 5	probabilité de mutation de 8 %

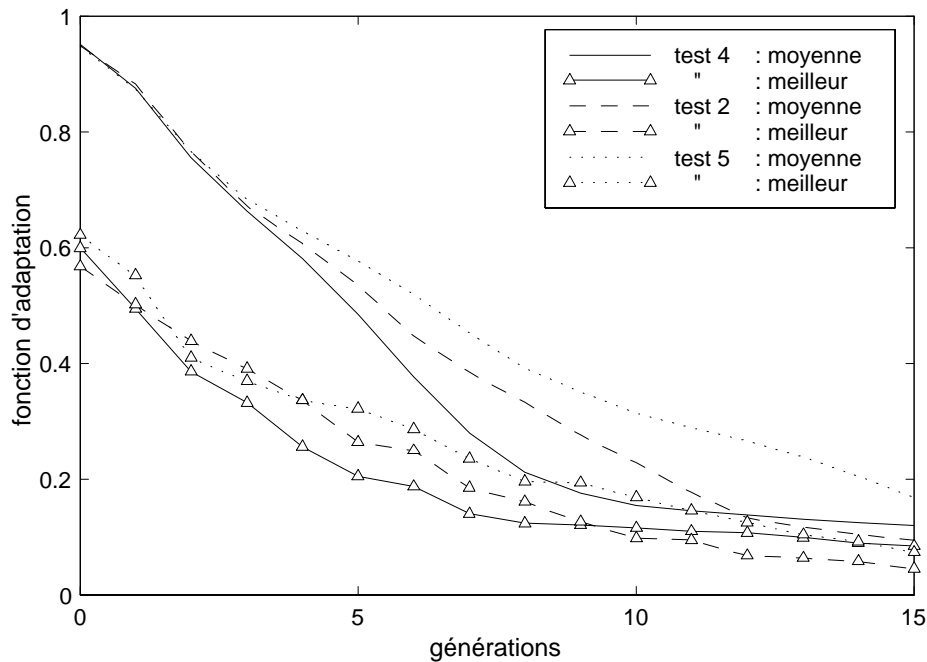


Figure II.2.3 : Deuxième comparaison

Le deuxième tournoi compare 3 procédures d'optimisation identiques, mise à part la probabilité de mutation qui est différente. La figure II.2.3 montre des résultats serrés. On choisit de retenir la configuration du test 2 car elle permet d'obtenir un bon compromis entre vitesse de convergence et diversité dans la population.

3^{ème} comparaison

points communs : crossover arithmétique, probabilité de mutation de 5 %

test	caractéristiques
test 6	insertion de l'individu le plus probable
test 2	

La troisième comparaison porte sur l'individu spécial créé à partir des valeurs de paramètres qui reviennent le plus souvent dans la population. Pratiquement, le domaine $[-10, 10]$ de chaque paramètre est discrétisé en 35 parties, et les 10 meilleurs membres de la population participent au calcul de la distribution. D'après la figure II.2.4, le fait d'inclure cet individu artificiel a pour effet d'approcher plus rapidement du minimum de la fonction.

4^{ème} comparaison

points communs : cross. arithm., prob. de mut. de 5 %, individu le plus prob.

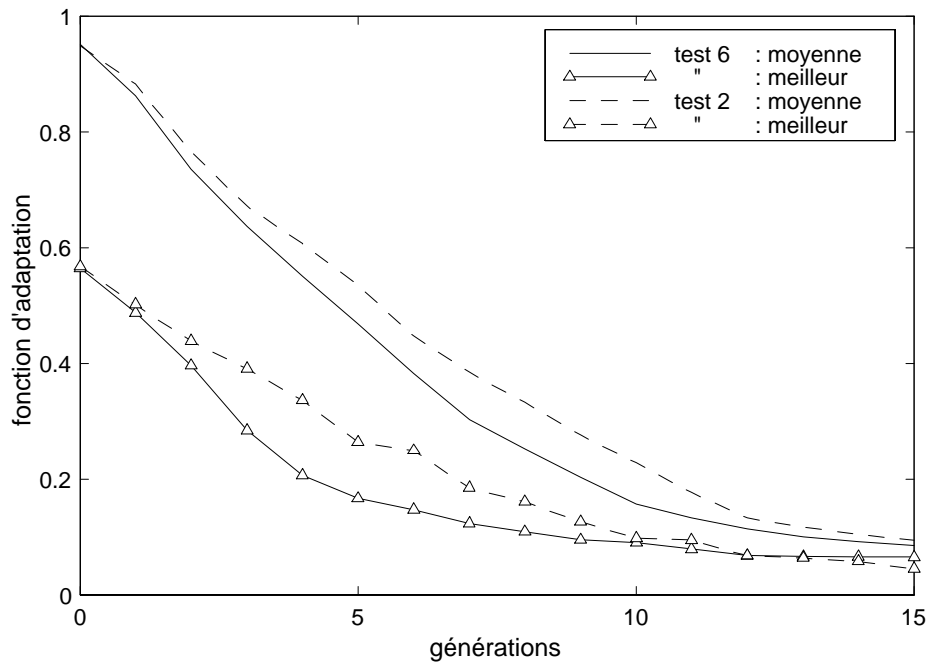


Figure II.2.4 : Troisième comparaison

test	caractéristiques
test 6	sélection sur l'adaptation
test 7	sélection par le rang

Dans le but d'accentuer la découverte de minima locaux, on teste un autre type de sélection des individus pour le croisement, la sélection par le rang. La figure II.2.5 le confirme, la pression de sélection est moins forte, ce qui entraîne une moyenne plus élevée et un minimum plus long à localiser. En contrepartie, le nombre moyen de minima locaux repérés est en augmentation (voir tableau page 102).

5^{ème} comparaison

points communs : cross. arithm., prob. de mut. de 5 %, individu le plus prob.

test	caractéristiques
test 6	
test 8	contrôle des niches
test 9	contrôle des niches, utilisation de l'historique

Dans le cinquième tournoi, on met en œuvre la technique de détection des niches et de limitation de la densité de celles-ci par remplacement optimal de leurs membres, ainsi que le recours à l'historique des populations pour freiner les évaluations de fonction coût. On opte pour une taille critique de niche égale à 10 % de la taille de la population, soit 5 membres, pour un seuil de densité de niche $\eta = 3$ %, et pour une résolution

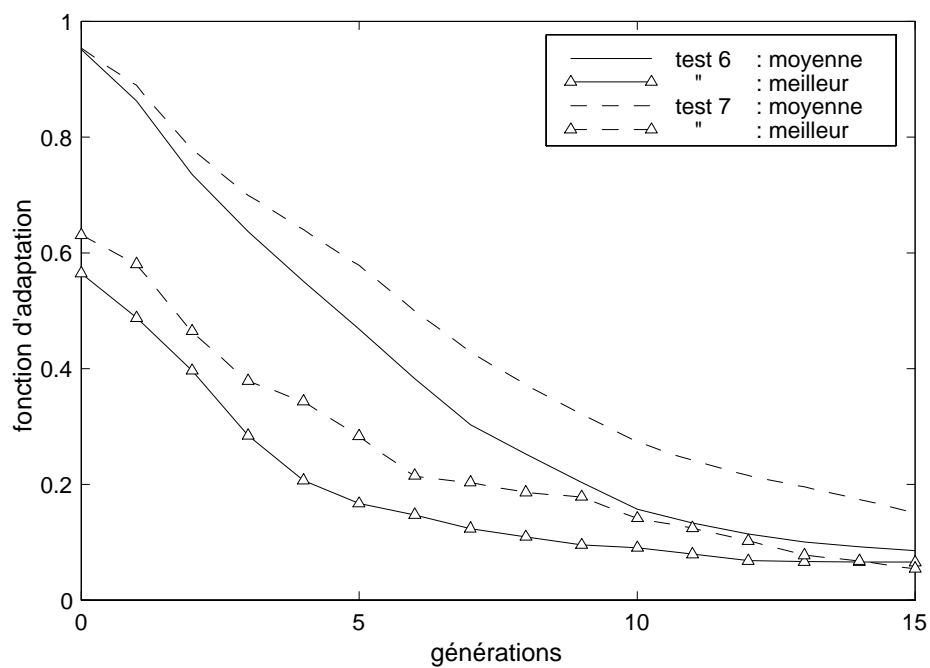


Figure II.2.5 : Quatrième comparaison

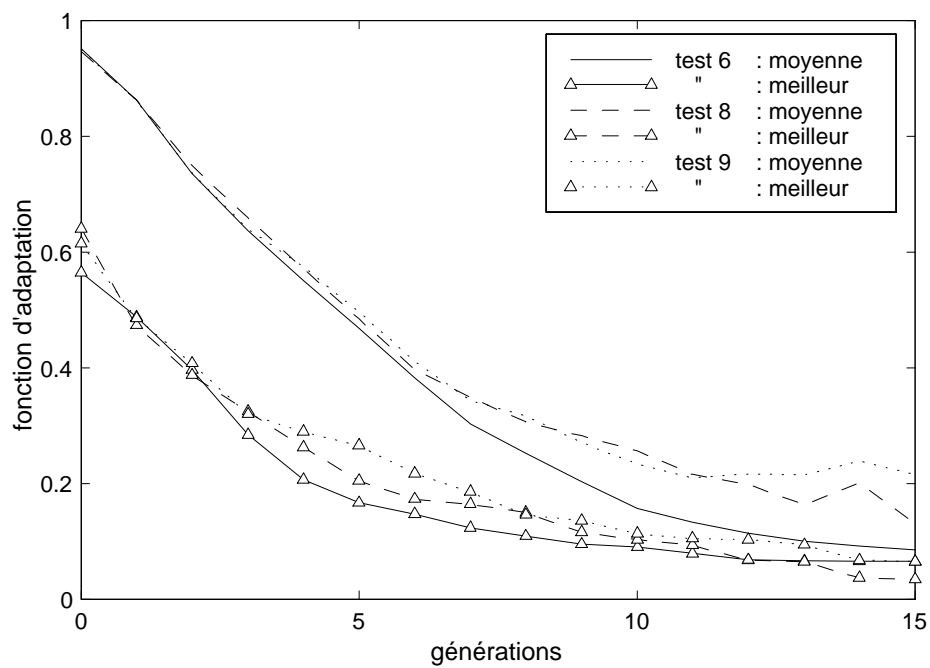


Figure II.2.6 : Cinquième comparaison

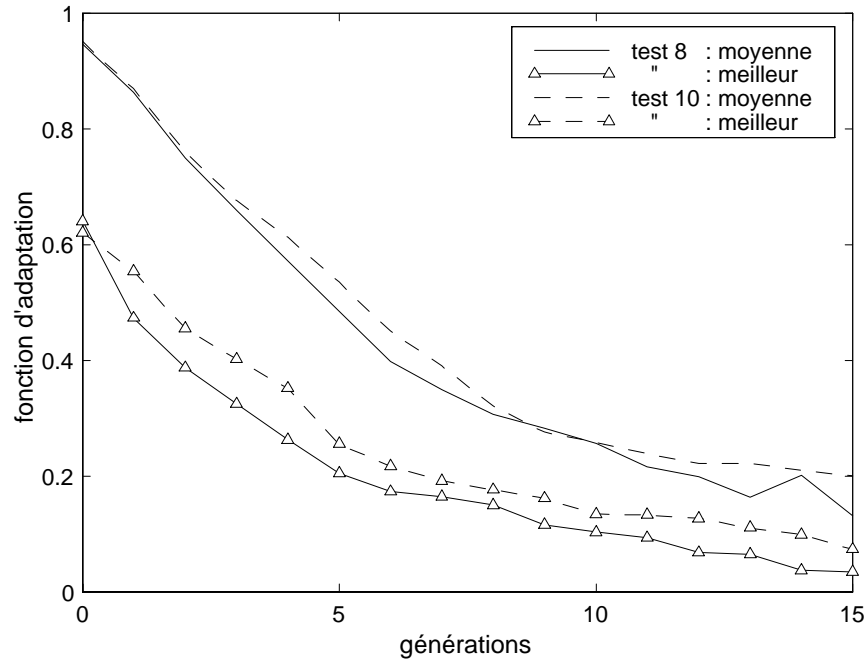


Figure II.2.7 : Sixième comparaison

spatiale $\varepsilon_{p_i} = 0,3 \%$ dans le cadre de l'opération de filtrage avec l'historique. La figure II.2.6 montre des évolutions sensiblement semblables (une remontée de la courbe de la moyenne signifie qu'une niche a été dissoute au profit d'individus dont l'adaptation est temporairement moins bonne).

Les données importantes se situent plutôt dans le tableau page 102. La configuration du test 8 permet de localiser en moyenne nettement plus d'optima dignes d'intérêt que les autres, mais le prix est plus élevé, près de 15 % d'évaluations en plus. Heureusement, le processus adopté dans le test 9 permet de récolter presque autant d'optima locaux pour un coût en calcul du niveau de celui des tests précédents.

6^{ème} comparaison

points communs : cross. arithm., prob. de mut. de 5 %, individu le plus prob.

test	caractéristiques
test 8	contrôle des niches
test 10	pénalisation des individus trop groupés

Dans la sixième et dernière comparaison, on oppose deux techniques de gestion des niches : celle qui détecte et fait éclater les groupes d'individus trop compacts (configuration du test 8), et celle qui freine la formation des niches dominantes par pénalisation de la fonction d'adaptation des individus. La pénalisation repose sur les paramétrages suivants : $\zeta = 2$ et $\alpha = 0,05$. La figure II.2.7 et le tableau suivant indique

une faible compétitivité de la deuxième technique.

	nb d'éval.	nb d'opt.	meilleure solution trouvée v_1							$F(v_1)$
test 1	800	2,1	2,37	-5,21	4,19	-0,74	3,08	-1,93		0,0034
test 2	800	2,3	2,57	-5,14	3,78	-0,73	3,76	-2,35		0,0026
test 3	800	1,7	1,15	-4,92	0,26	1,79	3,88	-2,41		0,0186
test 4	800	1,2	1,14	-4,74	4,84	-1,18	2,80	-1,73		0,0115
test 5	800	1,8	1,74	-4,99	3,29	-0,21	4,52	-2,82		0,0004
test 6	814	1,5	2,15	-5,27	2,94	0,00	4,86	-3,06		0,0023
test 7	814	1,9	2,64	-5,13	4,71	-1,13	3,90	-2,49		0,0030
test 8	924	3,2	0,56	-4,06	2,33	0,14	3,44	-2,14		0,0024
test 9	815	2,9	1,84	-5,02	1,64	0,85	4,54	-2,82		0,0013
test 10	814	1,8	3,23	-5,85	3,03	-0,16	3,14	-1,95		0,0028

Pour finir, il est intéressant de connaître la dispersion relative aux résultats des 10 lancers de chaque test. La figure II.2.8 affiche l'écart type calculé à toutes les générations pour les 10 tests. On remarque qu'à la dernière génération, l'écart type des tests 6, 8 et 9 sont parmi les plus bas. Le caractère répétitif de leurs bons résultats est donc meilleur, on est assuré d'une plus grande reproductibilité des tests avec les algorithmes correspondants.

2.1.4 Structure de l'algorithme final

L'architecture de la méthode qui va être utilisée en recalage, dans la prochaine application numérique, résulte de l'expérience accumulée grâce aux tests d'optimisation de la fonction mathématique. Des opérateurs ou des paramétrages sont mis hors jeu à cause de leur faible rendement, d'autres sont retenus parce qu'ils apportent une contribution positive en terme de vitesse de convergence ou de localisation d'optima. Par conséquent, il est maintenant possible de dresser un organigramme complet du programme évolutionnaire, c'est le contenu de la figure II.2.9.

Le cadre en haut à gauche symbolise les opérations exécutées à chaque fois qu'une évaluation de l'adaptation pour des paramètres donnés est exigée, ce qui arrive plusieurs fois au cours des étapes de l'algorithme (cadres en ligne discontinue). Cet organigramme correspond à l'algorithme utilisé lors du test 9.

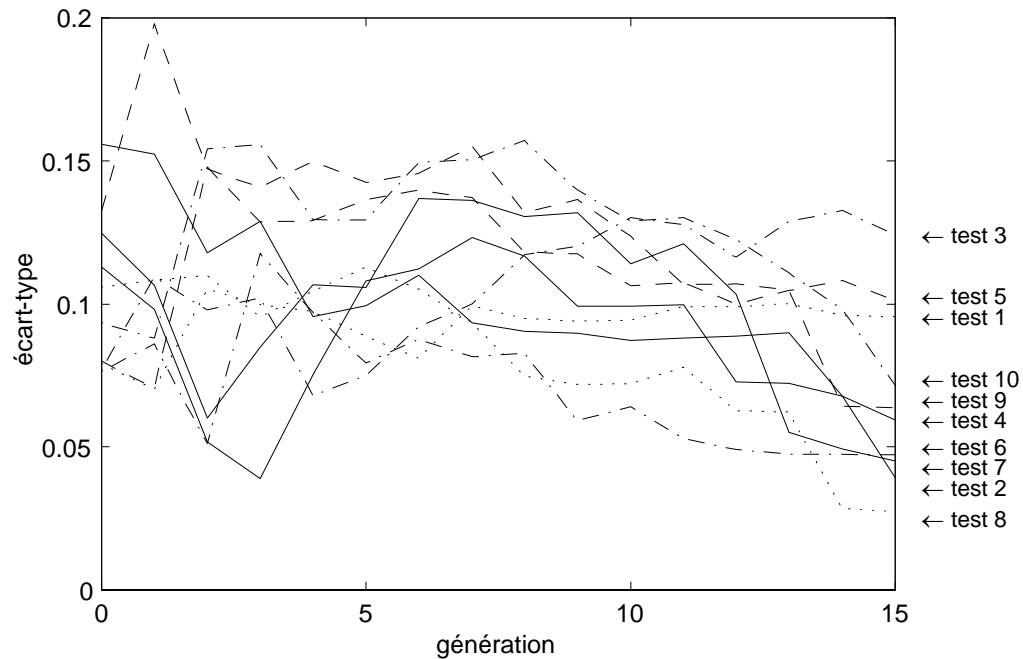


Figure II.2.8 : Évolutions des écarts type

2.2 Recalage

Le programme évolutionnaire précédent, dont l'architecture spécifique et les variables de fonctionnement ont été optimisées, va maintenant être soumis au problème de l'identification paramétrique sur un cas test industriel de grande dimension. On dispose du modèle éléments finis de la structure et de mesures simulées. Autrement dit, le recalage va porter sur des modifications du modèle théorique par rapport à un comportement dynamique calculé qu'on désigne sous le nom de données expérimentales, issu d'une perturbation connue.

2.2.1 Présentation du modèle

On considère une structure qui est une partie d'un plancher de voiture. Son maillage en éléments finis, tous de type plaque, est visible dans la vue supérieure de la figure II.2.10. On présente ci-dessous les caractéristiques principales :

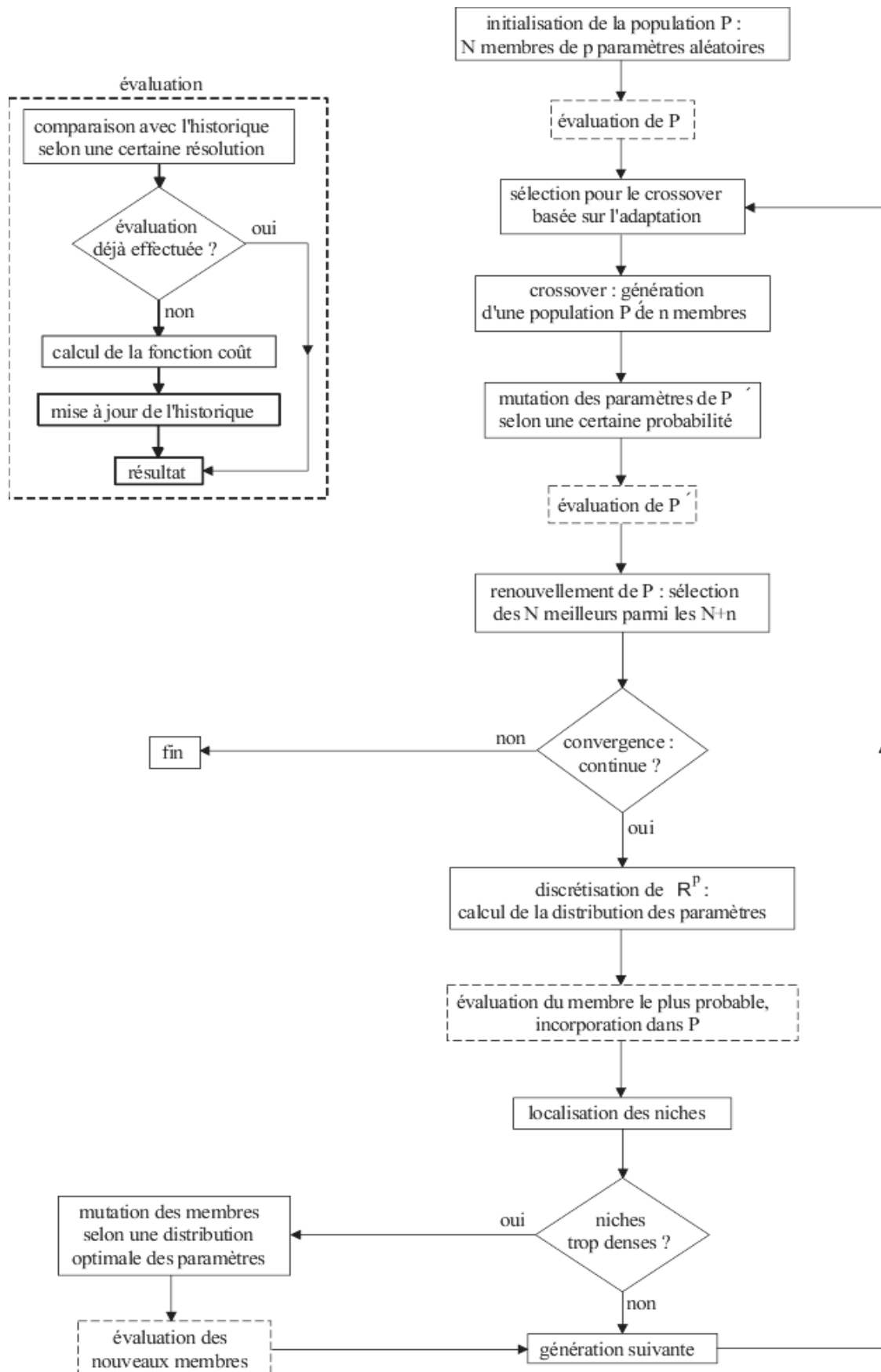


Figure II.2.9 : Organigramme du programme évolutionnaire

- Caractéristiques géométriques et matérielles :

longueur	1,11 m
largeur	0,62 m
hauteur	0,19 m
épaisseur de la tôle	0,7 mm
module d'Young	$2,1 \cdot 10^{11}$ Pa
masse volumique	6720 kg m^{-3}
coefficient de Poisson	0,3

- Caractéristiques du modèle éléments finis :

nombre de nœuds	7611
nombre d'éléments	6954
nombre de ddl	45666

Comme la plaque utilisée en application numérique dans la première partie du mémoire, d'ailleurs une sous-structure de ce plancher, onze nœuds sont encastrés sur chacun des deux petits côtés de la structure.

Dans la suite, l'hypothèse est faite qu'on est seulement intéressé par les 20 premiers modes du modèle, ce qui conduit à une bande d'intérêt de 200 Hz de large environ (première fréquence propre à 26,8 Hz, vingtième à 237,2 Hz).

2.2.2 Paramétrisation

Cinq macro-éléments sont créés afin de répondre aux exigences de l'identification paramétrique. La vue inférieure de la figure II.2.10 donne leur position vis-à-vis du reste de la structure.

macro-élément (zone)	nombre d'éléments
1 (ligne de jonction)	115
2 (traverses)	809
3	18
4	18
5	18

Le total constitue 14,1 % de tous les éléments de la structure, ou encore 15,9 % de l'ensemble des ddl internes.

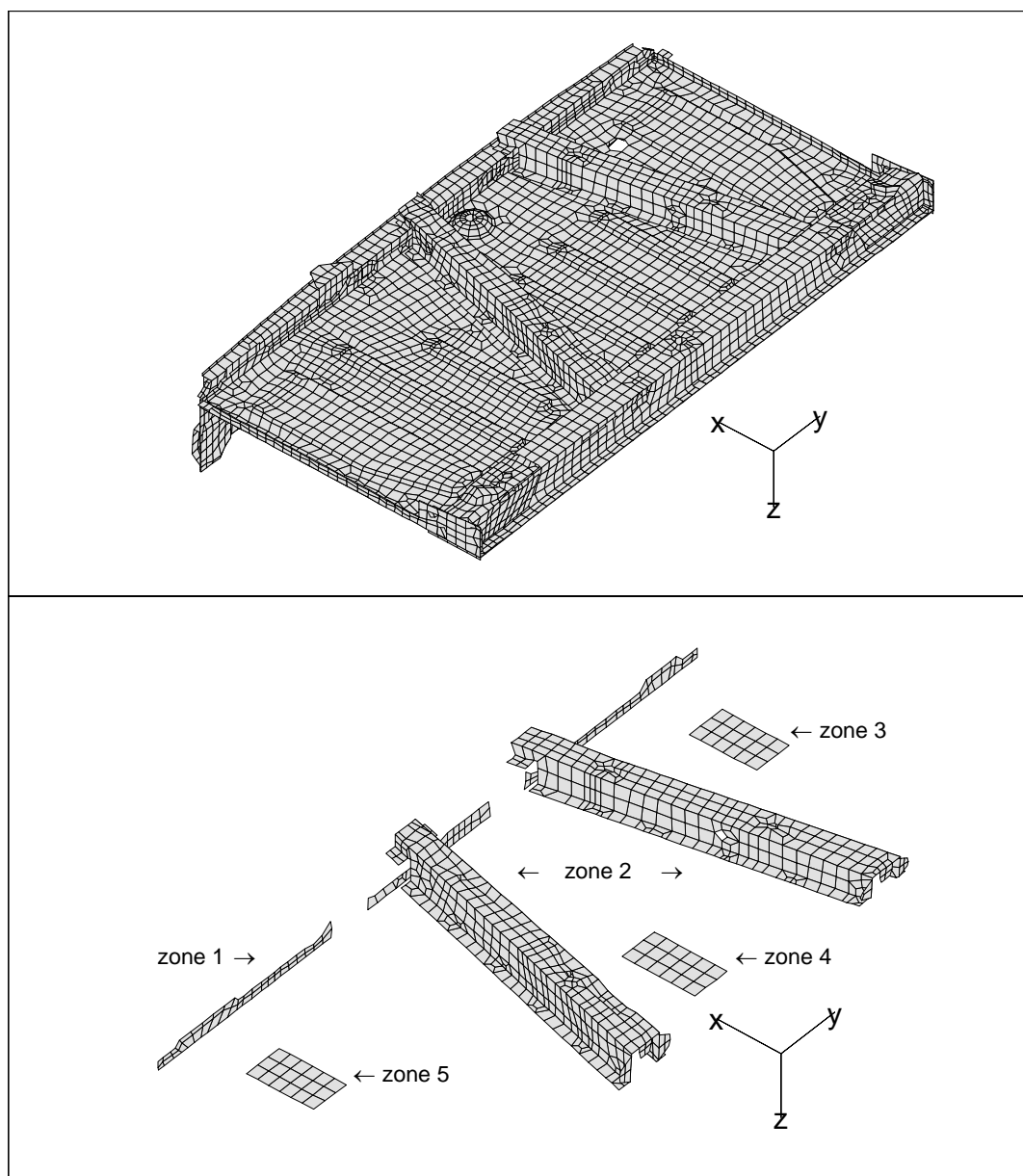


Figure II.2.10 : Plancher automobile : vue complète et localisation des zones

A ces cinq macro-éléments sont associés autant de paramètres de conception dont les variations interviennent en accord avec le tableau suivant :

paramètre	type	macro-élément
1	E	1
2	E	2
3	ρ	3
4	ρ	4
5	ρ	5

Concrètement, une variation du paramètre 1 entraîne une modification du module d'Young de la ligne de jonction de la structure (macro-élément 1), comme le paramètre 2 intervient sur le module d'Young des traverses (macro-élément 2), alors que les trois derniers paramètres agissent en terme de masse sur les éléments correspondants par l'intermédiaire de leur masse volumique.

2.2.3 Perturbation du modèle et simulation des mesures

Le modèle éléments finis initial est caractérisé par ses valeurs propres λ_ν^m et par ses modes propres y_ν^m . Un modèle perturbé est obtenu en effectuant une réanalyse exacte sur le modèle initial avec les cinq valeurs de paramètres suivantes :

$$\hat{p} = \begin{bmatrix} 0,25 & 0,25 & 5 & 5 & 5 \end{bmatrix}$$

Les solutions modales $(\lambda_\sigma^s, y_\sigma^s)$ qui en résultent sont considérées comme étant la description modale de la structure réelle. Le recalage proposé dans les paragraphes suivants aura donc pour principal objectif de trouver \hat{p} .

On suppose qu'on connaît 20 modes du modèle et 20 modes de la structure. La figure II.2.11 donne une représentation graphique des distances existant entre les paires de modes y_ν^m et y_σ^s d'une part, et entre les fréquences appariées des deux ensembles d'autre part (les données incomplètes correspondent à une absence d'appariage pour certains modes).

2.2.4 Réanalyse approchée

L'extension de la base modale incomplète Y_1 du modèle initial avec des vecteurs de résidus statiques semble être le meilleur compromis entre vitesse d'exécution et précision des solutions propres obtenues pour des perturbations moyennes à fortes autour du modèle initial.

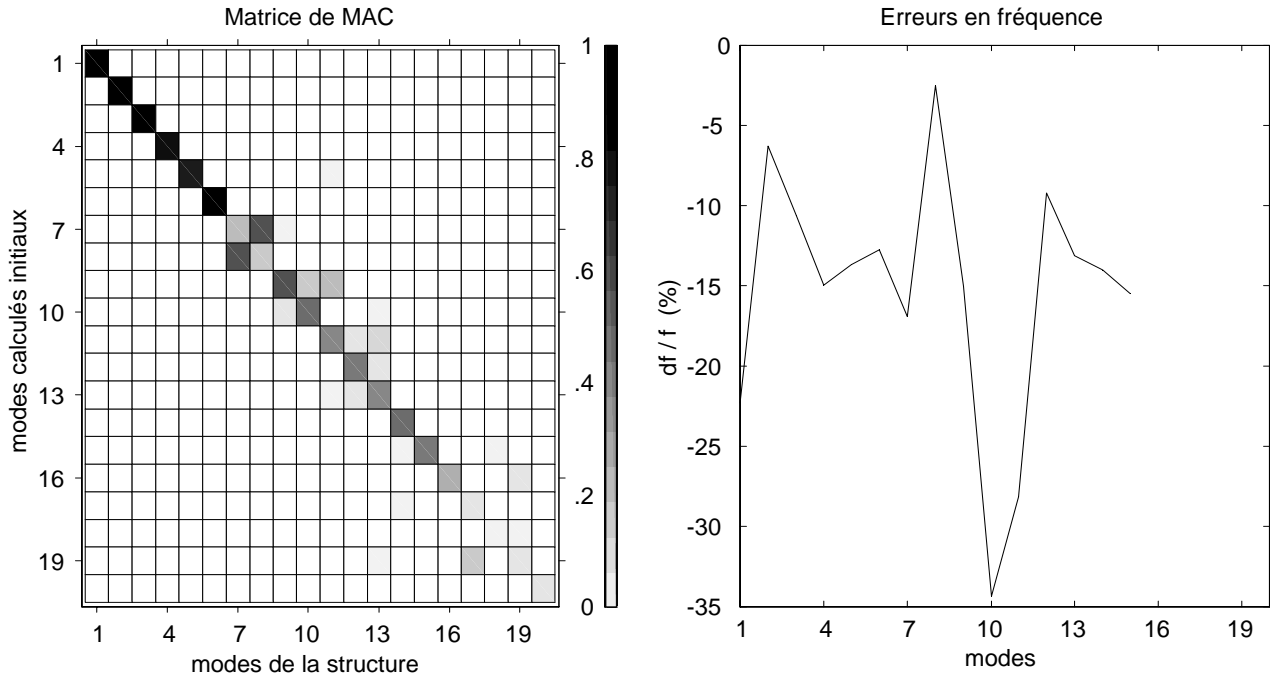
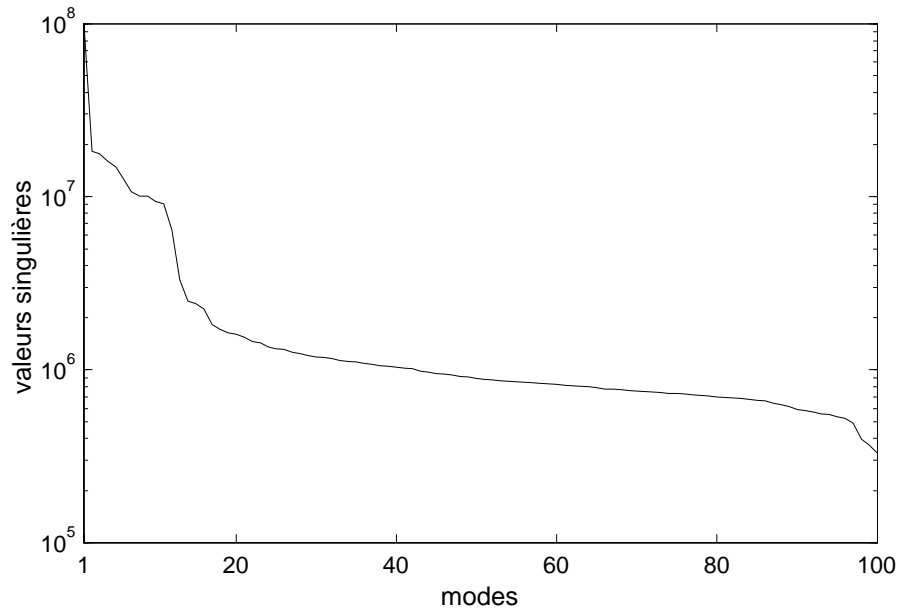


Figure II.2.11 : MAC et erreurs fréquentielles entre modèle initial et perturbé

Voici la configuration retenue: la base de projection $P = \begin{bmatrix} Y_1 & R \end{bmatrix}$ possède 100 vecteurs et se compose de 50 modes de Y_1 et d'une matrice R de 50 vecteurs résiduels décomposés, chaque macro-élément ayant permis d'en calculer 10. La base P contient donc la description exacte des 50 premières formes propres du modèle de départ, ce qui correspond à une largeur de spectre environ deux fois plus grande que celle de la bande d'intérêt (la 50^{ème} fréquence vaut 413,2 Hz). Afin de s'assurer que les colonnes de P sont suffisamment indépendantes les unes des autres pour une représentation optimale dans l'espace du système réduit, on évalue les valeurs singulières de P . Elles sont affichées sur la figure II.2.12: le rapport entre la plus grande et la plus petite est relativement bas, P constitue donc une base de projection acceptable.

2.2.5 Configuration du programme d'optimisation

Comme dans le test numérique précédent, on tente de niveler les effets positifs et négatifs du hasard sur le déroulement de l'optimisation en lançant plusieurs procédures de recalage dans les mêmes conditions. La taille du modèle est importante, ce qui entraîne un temps d'exécution du recalage relativement long, de l'ordre d'une demi-

Figure II.2.12 : Valeurs singulières de P

journée (sur la même station de travail que précédemment).

nombre de générations	50
nombre de lancers	3
borne inférieure de variation des paramètres	$b_{\text{inf}} = 0,2$
borne supérieure de variation des paramètres	$b_{\text{sup}} = 6$

On choisit d'autoriser les paramètres de conception à varier entre 0,2 et 6. Les autres configurations sont rassemblés dans le tableau suivant :

taille de la population	$\tau = 50$
probabilité de mutation	$\mu = 5 \%$
nombre de bandes d'échantillonnage	$n_b = 24$
taille critique de niche	5
seuil de densité de niche	$\eta = 3 \%$
résolution spatiale	$\varepsilon_{p_i} = 0,5 \%$

2.2.6 Fonction coût

La fonction coût doit traduire la distance entre le modèle analytique et les données expérimentales en une mesure scalaire. Dans notre cas, la fonction coût la plus appropriée repose sur des erreurs modales bornées :

1. erreur généralisée pour les fréquences

$$err_f(\nu, \sigma) = \frac{|(f_\nu^m)^2 - (f_\sigma^s)^2|}{(f_\nu^m)^2 + (f_\sigma^s)^2} \text{ si } (f_\nu^m)^2 + (f_\sigma^s)^2 \neq 0, \quad 0 \leq err_f \leq 1 \quad (\text{II.2.6})$$

2. erreur sur le MAC pour les vecteurs propres

$$err_y(\nu, \sigma) = 1 - \frac{(y_\nu^{mT} y_\sigma^s)^2}{\|y_\nu^m\|^2 \|y_\sigma^s\|^2}, \quad 0 \leq err_y \leq 1 \quad (\text{II.2.7})$$

Les paires (ν, σ) sont formées par une procédure d'appariage avec contraintes basée sur le calcul des valeurs de MAC (voir annexe C). Les critères d'appariage utilisés sont de 0,5 pour la valeur minimum et de 0,7 pour le rapport maximum. Dans certaines circonstances, tous les modes expérimentaux ne sont pas appariés avec un mode analytique, ce qui suppose alors que err_f et err_y ne sont pas calculables. Afin de pénaliser cet état de fait, on propose de saturer à 1 la valeur assignée aux erreurs. La fonction coût à minimiser est finalement définie par :

$$f = \frac{1}{2\sigma} \sum_{\sigma} (\varepsilon_f(\sigma) + \varepsilon_y(\sigma)) \quad , \quad 0 \leq f \leq 1 \quad (\text{II.2.8})$$

avec

$$\varepsilon_f(\sigma) = \begin{cases} err_f(\nu, \sigma) & \text{si } \sigma \text{ apparié à } \nu \\ 1 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.2.9})$$

$$\varepsilon_y(\sigma) = \begin{cases} err_y(\nu, \sigma) & \text{si } \sigma \text{ apparié à } \nu \\ 1 & \text{sinon} \end{cases} \quad (\text{II.2.10})$$

f n'est bien sûr pas continue et ne peut pas être dérivée en tout point, mais cet aspect n'intervient pas dans la procédure de recalage proposée.

2.2.7 Présentation des tests

Trois recalages sont effectués. Ils diffèrent essentiellement par la façon dont sont traitées les données provenant des mesures et permettent de s'approcher des conditions réelles du recalage de structures industrielles : un nombre limité de capteurs disposés sur la structure, la présence de bruit de mesure.

1. Le premier recalage se caractérise par l'emploi de tous les ddl des modes mesurés dans la procédure d'appariage, mais seule la contribution ε_f des erreurs fréquentielles est incluse dans la fonction coût.

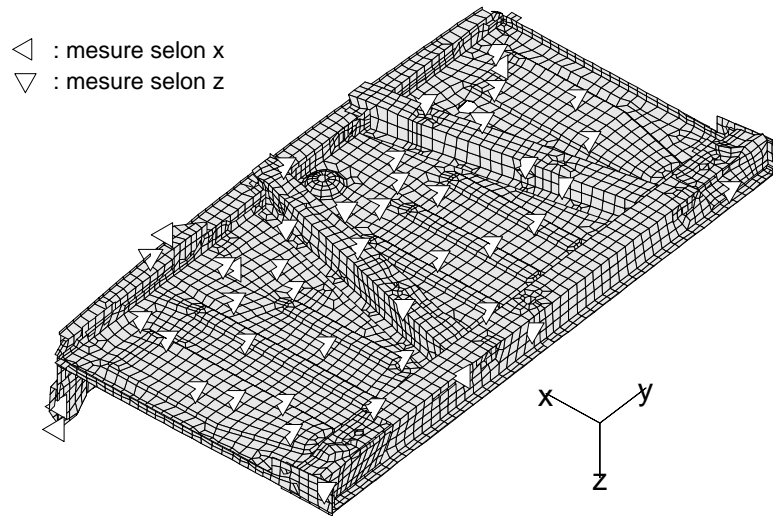


Figure II.2.13 : Visualisation des capteurs sur la structure

2. Le deuxième suppose que les déplacements de la structure réelle n'ont été mesurés que sur un nombre très restreint de ddl : 45 ddl capteurs dont le choix optimal est basé sur un conditionnement minimal de la matrice modale. Leur position et direction de mesure sont représentées sur la figure II.2.13. Les erreurs sur les fréquences et sur les vecteurs propres contribuent maintenant ensemble à la fonction coût.
3. Le troisième reprend la configuration du deuxième, mais en plus il repose sur des données mesurées bruitées. Voici les niveaux maximaux de bruit aléatoire imposés :

bruit sur y^s	$\pm 10 \%$ sur tous les termes
	$\pm 50 \%$ sur la norme des modes
bruit sur f^s	$\pm 5 \%$

2.2.8 Résultats

La figure II.2.14 affiche, pour chaque recalage effectué et en prenant la moyenne sur tous les lancers, l'évolution de la moyenne de la fonction d'adaptation des membres de la population et l'évolution de la meilleure valeur obtenue jusqu'alors. On peut faire les remarques suivantes :

- La population initiale contient déjà au moins un bon élément presque à chaque fois. Ceci est dû à la chance et non à l'incorporation du vecteur codant le modèle

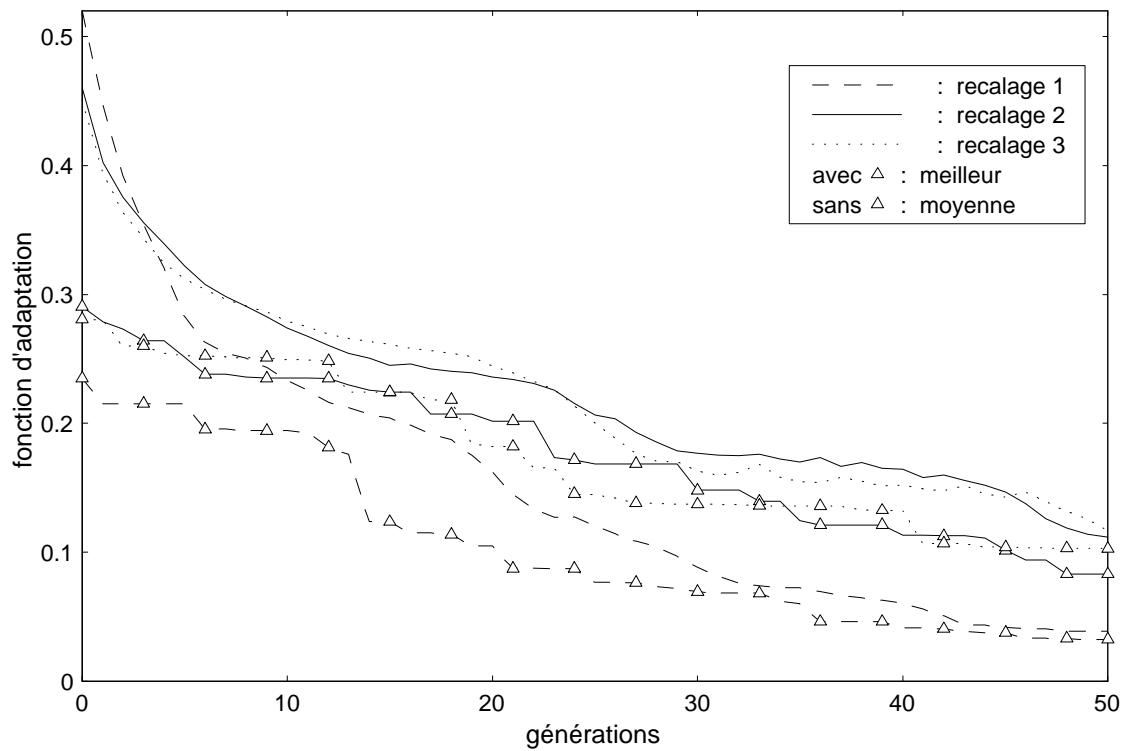


Figure II.2.14 : Comparaison des résultats de recalage

initial, $v^m = [1 \ 1 \ 1 \ 1 \ 1]$, dont voici l'évaluation de fonction coût :

	modèle initial
recalage 1	$f(v^m) = 0,436$
recalage 2	$f(v^m) = 0,420$
recalage 3	$f(v^m) = 0,419$

- La moyenne sur tous les membres, d'abord assez élevée, descend rapidement et suit à une courte distance la tendance à la baisse du meilleur individu de la population.

Considérons maintenant les valeurs optimales des paramètres qui ont été identifiées. Le tableau suivant récapitule l'essentiel des résultats.

	nb d'éval.	meilleure solution trouvée v_1	$f(v_1)$
recalage 1	2296	0,22 0,27 5,54 5,83 5,66	0,015
recalage 2	2186	0,31 0,26 5,00 4,30 4,84	0,029
recalage 3	2222	0,81 0,28 4,99 4,77 5,06	0,061

Il est intéressant de pouvoir comparer les distances modales et fréquentielles avant et après les recalages. La figure II.2.11 fournit déjà les distances initiales. Les figures

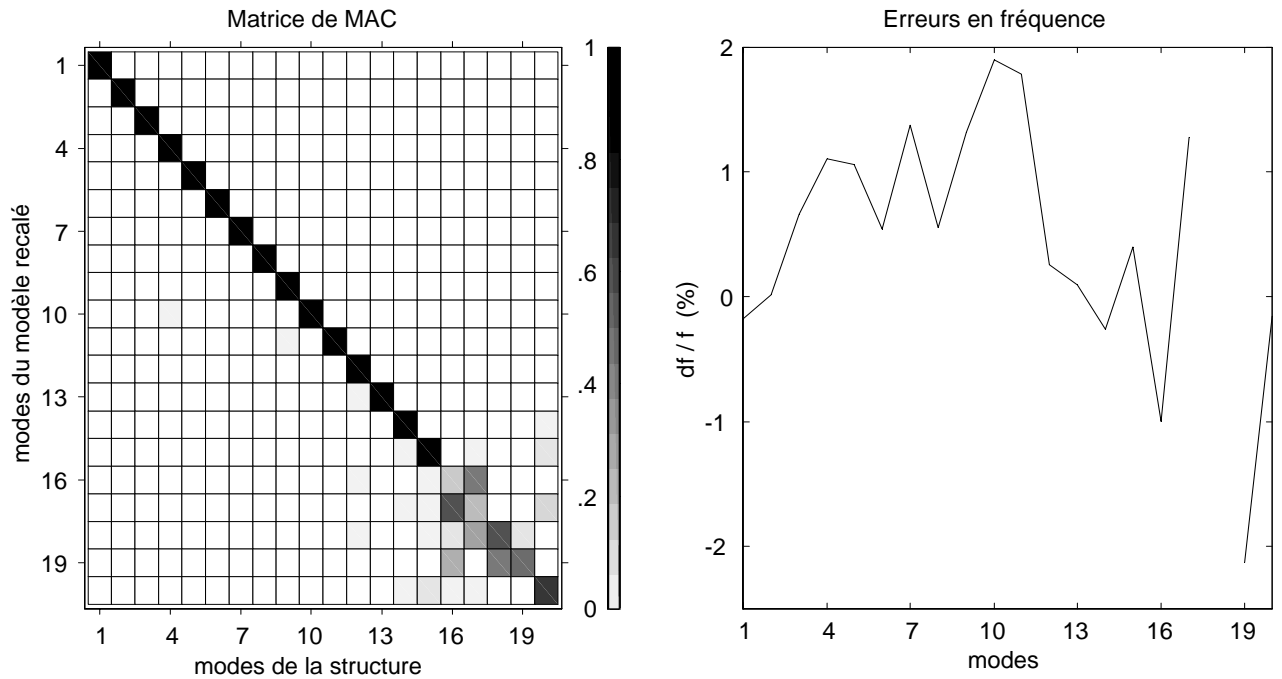


Figure II.2.15 : Recalage 1 : distances entre structure et modèle recalé

II.2.15, II.2.16 et II.2.17 représentent, pour les trois recalages successifs et sur les 20 premiers modes, la matrice de MAC et les erreurs fréquentielles entre les données issues de la structure réelle et les données modales du modèle recalé. Ces dernières sont obtenues par une réanalyse exacte sur la base des paramètres identifiés du tableau précédent.

L'amélioration des valeurs de MAC est très nette sur presque tous les modes appariés, bien que des croisements ou des ambiguïtés subsistent encore sur les 5 derniers modes en recalage 1 et 3. On remarque aussi que le recalage 3 souffre particulièrement du bruit imposé sur les fréquences mesurées.

Outre le fait que la procédure évolutionnaire ait réussi à identifier des paramètres situés dans le voisinage immédiat des paramètres exacts de la perturbation, elle a aussi permis de trouver des optima dignes d'intérêt, et surtout dignes de figurer parmi les points de départ éventuels d'une méthode de recherche par gradient. Les optima locaux détectés sont caractérisés par un ou plusieurs paramètres sensiblement différents de ceux du minimum global. On en donne une liste succincte dans le tableau suivant

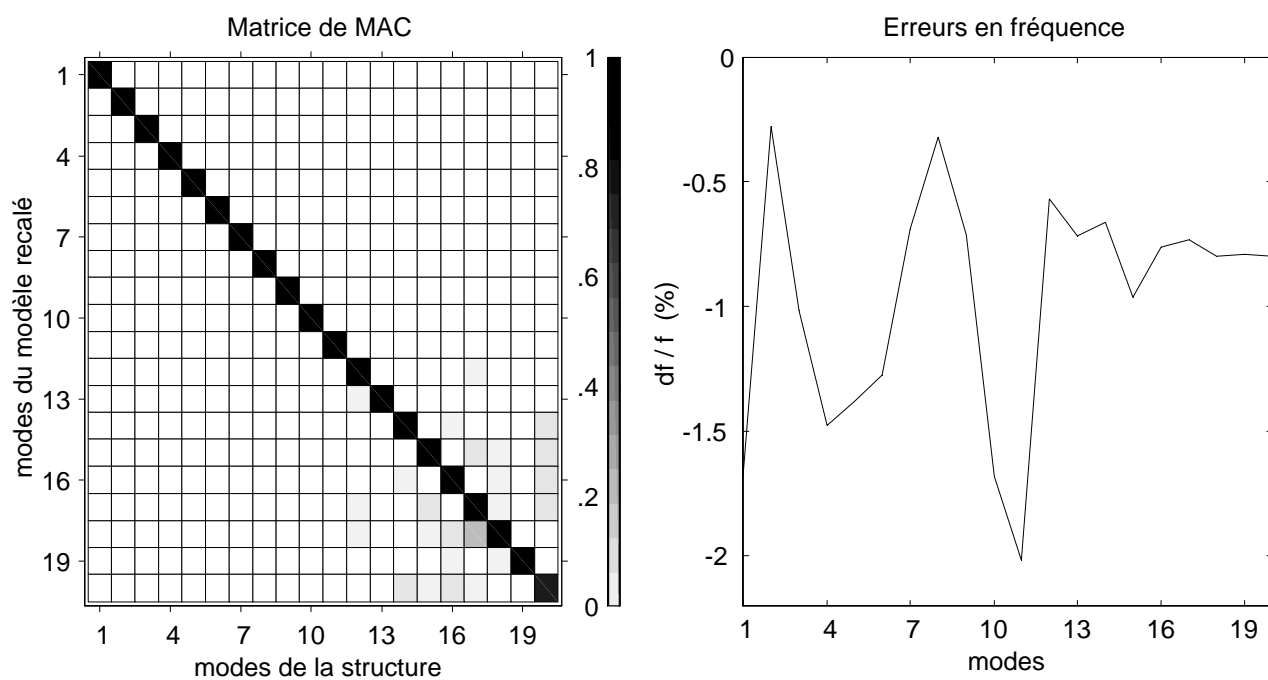


Figure II.2.16 : Recalage 2 : distances entre structure et modèle recalé

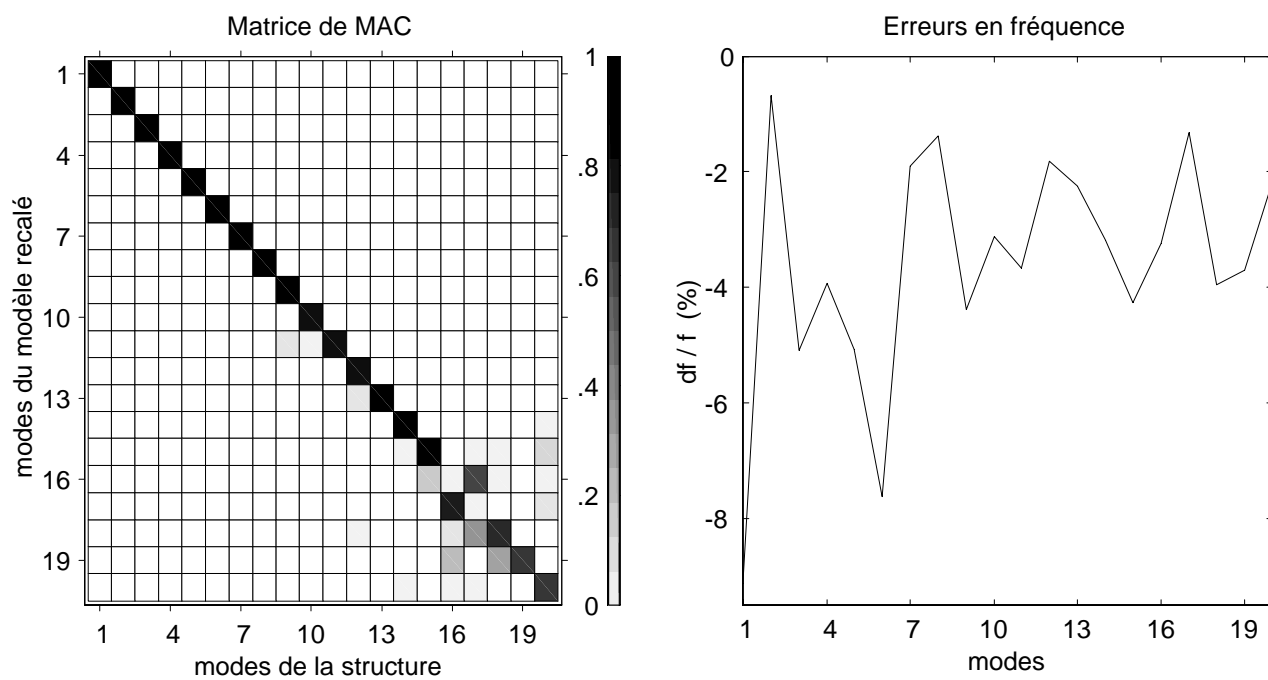


Figure II.2.17 : Recalage 3 : distances entre structure et modèle recalé

(uniquement ceux qui ont une fonction coût inférieure à 0,1).

	vecteurs de paramètre v_{opt}					$f(v_{opt})$
recalage 1	1,04	0,29	3,97	4,40	2,56	0,072
	0,31	0,27	0,21	5,76	5,72	0,076
	0,31	0,27	5,75	5,47	0,38	0,083
	2,51	0,28	3,34	4,64	4,92	0,086
recalage 3	1,54	0,27	4,80	3,55	5,05	0,097

L'interprétation des résultats fournit également des informations qualitatives intéressantes au sujet de la sensibilité des paramètres par rapport à la fonction coût. L'historique des individus évalués, constitué tout au long des générations, rassemble suffisamment de données pour savoir que lorsque tel paramètre varie, il a ou non une grande influence sur l'estimation de la fonction coût. Par ce moyen, l'approche vers la sensibilité des paramètres n'est pas aussi rigoureuse que dans la définition de la sensibilité modale classique basée sur des dérivées premières. Mais l'effort consenti en évaluations de la fonction coût trouve dans cette réflexion une nouvelle justification, et la connaissance de l'influence des paramètres peut permettre un autre recalage plus ciblé.

	écart type de $\{v_s \mid f(v_s) \leq 0,1\}$				
recalage 1	0,407	0,001	0,953	0,408	0,744
recalage 2	0,317	0,007	0,344	0,344	0,226
recalage 3	0,209	0,000	0,245	0,456	0,140

Afin de présenter des résultats exploitables, on ne considère que les variations des paramètres dans le voisinage du minimum global. La région concernée est définie par rapport à la valeur de la fonction coût : tous les individus v_s tels que $f(v_s) \leq 0,1$ sont sélectionnés. Sur cet échantillon, on calcule l'écart type pour tous les paramètres (tableau ci-dessus). Il apparaît que le deuxième paramètre (raideur des traverses du plancher) est extrêmement sensible, le choix de sa valeur est prépondérant dans le succès du recalage.

Conclusion

La deuxième partie de ce mémoire a décrit la mise en œuvre d'une procédure de recherche directe adaptée aux besoins de l'identification paramétrique de grandes structures industrielles. La formulation est basée sur les principes de fonctionnement des méthodes stochastiques à recherche dirigée, en particulier les algorithmes génétiques et les programmes évolutionnaires. L'intérêt pour ces méthodes est principalement dû aux caractéristiques suivantes :

- la seule information qu'il est nécessaire de calculer est la valeur de la fonction coût qui n'a donc pas besoin d'être dérivable ;
- la recherche repose sur une population de solutions potentielles, elle est donc moins susceptible de converger vers un minimum local ;
- un large domaine de recherche peut être exploré tout en gardant la capacité à localiser plusieurs optima ;
- la procédure dans son ensemble est compatible avec une application sur machine à structure parallèle.

La méthode évolutionnaire proposée a été élaborée par une démarche visant à obtenir l'algorithme le plus apte à trouver le minimum global et quelques autres optima de la fonction coût. Une fonction mathématique multimodale a été employée pour qualifier les opérateurs les plus efficaces. Mis à part les ingrédients standard (sélection basée sur l'adaptation, crossover, mutation, etc), nous avons introduit un mécanisme d'injection d'individus spéciaux dans la population par le calcul de la probabilité de distribution des paramètres. De plus, une attention particulière a été portée sur des techniques spécifiques : préservation des niches centrées sur les optima locaux, limitation du nombre d'évaluation de la fonction coût.

Aucune preuve mathématique n'est disponible pour montrer que cette méthode évolutionnaire est transposable pour optimiser d'autres fonctions coûts avec succès. En

recalage, la décision de l'utiliser est justifiée par le fait que la fonction coût peut être très non linéaire et multimodale. Une technique d'optimisation classique utilisant le gradient mène quelquefois à des solutions peu satisfaisantes. C'est pourquoi un *prérecalage* par la méthode globale directe, puis un raffinement des optima par une méthode locale, est sans doute l'approche à retenir.

L'identification des paramètres de conception d'une grande structure industrielle à partir de données pseudo-expérimentales a permis de montrer que l'algorithme évolutionnaire trouve des solutions très proches de la solution exacte. La fonction coût était définie comme la moyenne des erreurs sur les fréquences et sur les MAC. Le recalage donne encore de bonnes approximations lorsque les modes et les fréquences mesurés sont sujets à des erreurs causées par du bruit aléatoire. Une augmentation du nombre de paramètres à identifier (jusqu'à quelques dizaines) ne devrait pas contredire ces conclusions, mais il faut être patient, à moins d'y associer un rétrécissement significatif du domaine de variation des paramètres. L'identification de paramètres dissipatifs peut également être envisagée sans autre modification que celle de la fonction coût qui doit être adaptée aux données modales complexes.

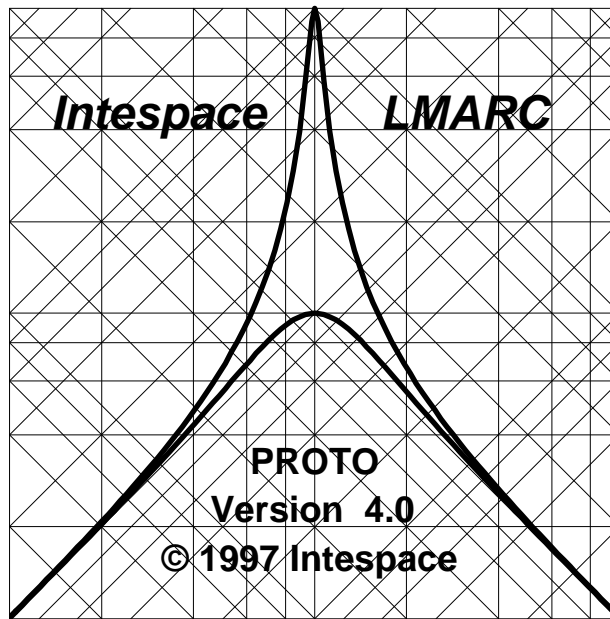
La recherche d'un algorithme évolutionnaire encore plus performant en identification paramétrique constitue un travail prioritaire suite à notre contribution. Différentes pistes peuvent être explorées :

- l'incorporation, dans la population de chaque génération, d'autres individus spéciaux construits à partir de principes heuristiques ou de méthodes inverses dont l'estimation nominale est la meilleure solution trouvée à la génération courante ;
- l'application de nouvelles méthodologies concernant les opérateurs classiques (crossover, sélection, etc), puisées dans certaines recherches orientées sur de récentes motivations biologiques (Willfried [79], Levenick [64]) ;
- l'étude de l'influence des tirages aléatoires sur l'évolution de l'optimisation, en comparant plusieurs générateurs de nombres pseudo-aléatoires (Moler [69]).

PARTIE III

Logiciel Proto–Dynamique

Introduction



Logo de Proto-Dynamique

Particulièrement destiné aux laboratoires de recherche et aux bureaux d'études, le logiciel Proto-Dynamique est conçu comme une plate-forme capable de traiter un certain nombre de problèmes relatifs à l'analyse des modèles éléments finis industriels. La version actuelle, commercialisée par Intespace, est issue des exigences d'un contrat européen¹ concernant notamment les méthodes de recalage, de réanalyse, et les outils graphiques associés. Proto se présente sous la forme d'un outil-logiciel (Roy [82] et [83]) écrit entièrement en langage MatlabTM ([85]), ce qui lui assure une grande portabilité entre différents systèmes informatiques, et offrant des facilités d'importation de données en provenance des codes de calcul éléments finis les plus répandus. Il fonctionne en environnement Unix ou MS-Windows.

Proto bénéficie pleinement des avantages numériques et graphiques de son langage de programmation, orienté matrice en calcul et orienté objet en visualisation. Mais

¹Brite Euram II P7666, contrat BRE2.CT94.0974 (1994-1997)

Proto a dû subir récemment un changement profond dû à l'évolution de Matlab lui-même qui est passé de la version 4.2 à 5.0. Le portage dans ce nouvel environnement (Berthod [81]) a été réalisé conjointement par le LMARC (Besançon) et Intespace (Toulouse). En terme de taille, dans sa version 4.0 de base, Proto se caractérise maintenant par les chiffres suivants :

$$\begin{array}{l|l} \text{nombres de fichiers sources} & \sim 800 \\ \text{nombres de lignes de code} & \sim 40000 \end{array}$$

L'objectif de cette troisième partie du mémoire est de présenter, de façon synthétique et sans jamais aborder d'ennuyeux détails de programmation, ce qui fait l'originalité du logiciel. Le premier chapitre concerne l'architecture générale du logiciel. Le second chapitre donne une description de ses fonctionnalités.

Chapitre 1

Architecture

1.1 Installation

Une définition de certains termes doit d'abord être donnée avant de commencer à expliquer le logiciel. Cette terminologie est directement liée à l'architecture de Proto, essentiellement organisée autour de cinq pôles :

- Répertoire *racine*. C'est le noyau de Proto qui contient plusieurs centaines de fichiers Matlab installés à la livraison du logiciel. Protégés contre toute écriture accidentelle, ces fichiers sont accessibles par n'importe quel utilisateur.
- Répertoire *site*. Proto est un environnement de travail où il est assez aisé de développer une nouvelle méthode numérique ou d'en modifier une déjà existante. Le *site* contient les fichiers des contributions ou des modifications à Proto venant d'un groupe de développeurs et partagées par eux. Ils ne sont pas placés dans le répertoire *racine* pour ne pas le polluer, mais sont cependant prioritaires par rapport à lui.
- Répertoire *utilisateur*. Ce terme désigne l'espace où chaque utilisateur-développeur, en fonction de ses besoins, configure, modifie, étend Proto. Cet apport personnalisé possède une structure parallèle à celle de la *racine* et du *site* et peut même se substituer à eux car il est prioritaire. Son existence, comme celle du *site*, est optionnelle.
- *Modèle*. Le terme *modèle* fait directement référence aux bases de données analytiques ou expérimentales enregistrées au format binaire de Matlab. La taille des modèles éléments finis des structures industrielles ne permet pas leur copie pour

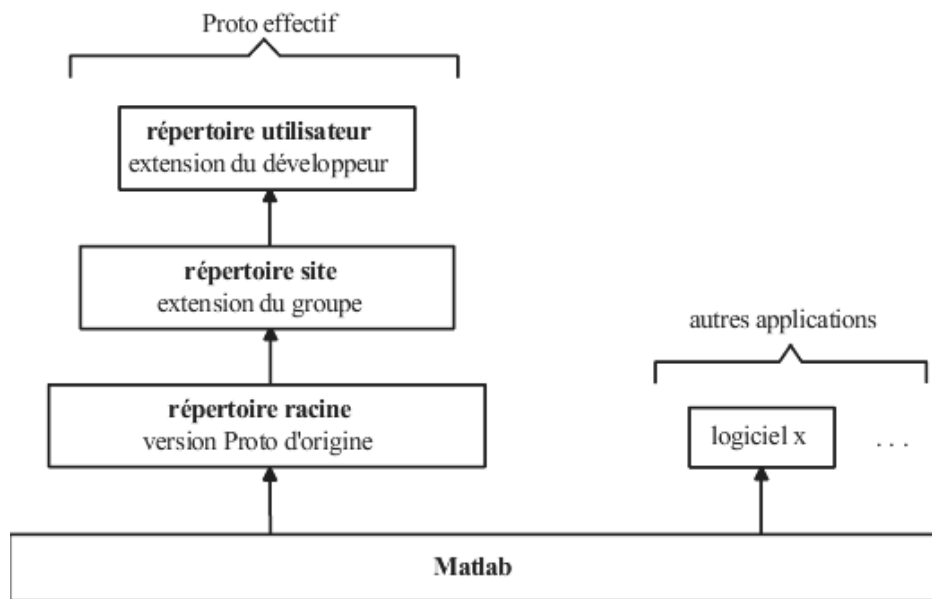


Figure III.1.1 : Schéma d'installation et d'extension de Proto

chaque utilisateur, c'est pourquoi les bases de données sont généralement mises en commun dans un répertoire partagé par un groupe d'utilisateurs.

- *Session*. La notion de *session* fait référence à la session de travail que sous-entend toute utilisation de Proto. En général située dans le répertoire *utilisateur* car non partagée avec les autres, une *session* contient des données de paramétrage ou des résultats de calcul suite à des opérations effectuées dans Proto.

Proto peut être exécuté simultanément avec d'autres applications dans l'environnement Matlab car le cadre qui régit les échanges de données et les variables de fonctionnement de Proto est hermétique.

1.2 Base de données

1.2.1 Exigences

L'objectif clairement annoncé du développement de Proto version 4.0 était d'arriver au recalage de grandes structures industrielles d'au moins 60000 ddl, l'équipement minimum pour ce genre d'opération étant une station de travail équipée de 128 Mo de mémoire. Cette taille de 60000 ddl correspond approximativement au modèle éléments finis d'une carrosserie de voiture dont le maillage est peu dense ou à une sous-structure découpée finement.

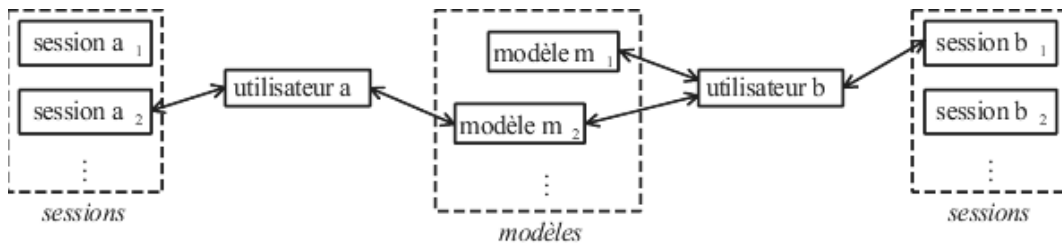


Figure III.1.2 : Exemple de stockage et de circulation des données

1.2.2 Organisation

L'organisation de la base de données et la gestion des variables en mémoire permettent d'atteindre la capacité de traitement exigée. Les points suivants exposent l'essentiel de la problématique :

- un modèle de grande taille sature rapidement la mémoire centrale d'un ordinateur si toutes les matrices qui le définissent (géométrie, modes, K , M , etc) sont chargées, mais l'accès à ces données lors des calculs est presque immédiat ;
- ces mêmes matrices sont mieux protégées si elles demeurent sur le disque dur et qu'on les charge en mémoire seulement en cas de besoin, par contre l'accès est plus lent.

La solution retenue dans Proto est le chargement à la demande, la mémoire est occupée pendant les calculs puis libérée. De plus, chaque matrice est conservée dans un fichier binaire qui lui est propre. Le maître mot dans ce contexte est donc souplesse d'utilisation plutôt que vitesse.

1.2.3 Désignation

Il n'y a pas de distinctions fondamentales entre les *modèles* éléments finis et les *modèles* issus de l'analyse expérimentales, les noms des matrices sont les mêmes, ce qui facilite grandement un traitement parallèle des données. Pour Proto, choisir un *modèle* dans une liste (par exemple en vue de le recalculer ou de le comparer à un autre) revient uniquement à créer un pointeur qui contient son nom et son adresse sur le disque dur.

1.3 Tables de configurations

Presque toutes les composantes du logiciel (les menus, les figures, les messages, les couleurs, etc), ainsi que toutes les propriétés des objets graphiques (autres que les propriétés classiques régies par Matlab), sont définies dans des tables dont l'édition et la

manipulation ne nécessitent qu'un minimum de connaissance sur Proto. Les tables de configuration permettent à l'utilisateur-développeur de modifier et d'étendre l'environnement de Proto sans avoir à changer des lignes de programme et sans interférer avec les autres utilisateurs.

1.4 Interfaces utilisateur

Les fenêtres que l'utilisateur manipule à l'écran sont la partie émergée de Proto et conditionnent le niveau de confiance dans le logiciel, une attention particulière leur a été portée. Toutes construites à partir des objets graphiques standard de Matlab, elles sont relativement homogènes et simples.

Chaque interface, sous la forme d'un *module* indépendant, est consacrée à une méthode ou une action particulière (exemples : Affichage 3D, Création des paramètres physiques, ...). Dans certaines, la validation du choix de l'utilisateur est faite en sauvegardant une configuration dans une variable du *modèle* ou de la *session* courante. De façon systématique, un contrôle rigoureux est effectué lors de chaque saisie de données (détection des erreurs de frappe) et de chaque déclenchement d'actions (absence de données, oubli d'une étape dans une procédure complexe), une boîte affichant un message approprié apparaît s'il le faut.

Chapitre 2

Fonctionnalités

Dans la suite, on donne une liste non exhaustive des fonctions offertes par Proto-Dynamique en matière de méthodes numériques, d'outils de visualisation graphique, d'interfaces externes, ou encore d'utilitaires.

2.1 Interfaces utilitaires

L'utilisation normale de Proto requiert un certain nombre d'opérations dont la finalité est de permettre une meilleure maîtrise du logiciel tout en fournissant des services indispensables. Les utilitaires décrits ci-dessous interviennent sur des tâches précises dans l'environnement Proto.

- Gestionnaire de modèles : il permet d'indiquer à Proto les noms et les chemins d'accès des modèles sur lesquels on souhaite travailler, de créer ou d'effacer des modèles.
- Gestionnaire de sessions : il permet de définir la session de travail courante, de créer, de sauvegarder ou d'effacer des sessions.
- Sélecteur : il fournit la liste instantanée de toutes les interfaces et fenêtres graphiques ouvertes par Proto, il peut les activer ou les fermer.
- Gestionnaire d'affichages : il contrôle la disposition et les propriétés des sorties graphiques à l'intérieur d'une même fenêtre.
- Explorateur de tables : il renseigne sur le contenu de toutes les tables de configurations et de propriétés actives et réinitialise leur lecture si nécessaire.

2.2 Importation de données

2.2.1 Modèles éléments finis

La nécessité de posséder une compatibilité avec les codes standard de calcul éléments finis résulte d'un souhait exprimé par les industriels. Mais c'est également la seule manière de générer un modèle au format Proto. Deux interfaces externes sont présentes, elles concernent les produits MSC/NASTRAN et ANSYS.

L'importation permet de récupérer les données relatives à la définition des nœuds, des éléments, des paramètres modaux, et des matrices élémentaires de masse et de raideur. Elle est généralement réalisée dans le but de recalibrer le modèle. C'est pourquoi elle prend en compte la définition des propriétés physiques et matérielles, éventuellement la définition des macro-éléments, que le concepteur a inclus dans le modèle.

2.2.2 Analyse modale expérimentale

L'importation des mesures effectuées sur la structure réelle est l'autre condition nécessaire à la réalisation d'un recalage non simulé. Les résultats fournis par les codes d'analyse modale SDRC/I-DEAS et LMS/CADA peuvent être lus par Proto sous la forme de fichiers de type universel ou neutre. La récupération des données concerne la position et la direction de mesure des capteurs, les modes réels et les masses généralisées.

2.3 Réponses fréquentielles

L'information relative aux réponses fréquentielles est essentielle pour de nombreuses procédures telles que l'identification modale, le recalage par méthode fréquentielle, etc. Au sein de Proto, on peut considérer le traitement des réponses autour de trois pôles :

- la base de données : elle est assez souple pour pouvoir importer et stocker des réponses issues de diverses sources (fichiers universels, superpositions modales, simulations, ...);
- les fonctions de calcul : le calcul des fonctions de transfert est réalisable après définition des fréquences d'excitation, de l'amortissement modal, des ddl excités et mesurés;

- la visualisation : elle autorise des affichages de plusieurs styles (amplitude et phase, réel et imaginaire, diagramme de Nyquist, ...), la définition de bandes fréquentielles, la saisie de fréquences particulières (résonances, antirésonances).

2.4 Visualisation graphique

En analyse de modèles, l’affichage de figures graphiques simplifie et améliore l’interprétation des résultats, surtout lorsqu’il s’agit de maillages complexes pour lesquels on souhaite connaître les formes modales, les énergies par éléments, ou la position des macro-éléments. Notre contribution, en terme d’outils de visualisation graphique de structure éléments finis, repose sur des interfaces dont les grandes lignes sont données ci-dessous.

- Affichage de la géométrie

Cette fonctionnalité est disponible aussi bien pour un maillage analytique que pour un maillage expérimental, elle est uniquement basée sur la description des nœuds et des éléments. Il y a deux modes d’affichage, treillis ou faces cachées. De plus, il est possible d’isoler un ou plusieurs macro-éléments parmi la totalité de la structure.

- Sélection de la vue ou du niveau de zoom

Une vue tridimensionnelle peut être appliquée au choix selon trois critères : une projection dans un des plans principaux du repère, une vue définie par les trois angles d’Euler, ou une vue définie par les angles d’azimut et de hauteur. Des rotations par incréments successifs génèrent des vues rapides. Quant aux opérations de zoom, elles sont effectuées à l’aide de la souris.

- Identification, recherche

Cette fonctionnalité consiste à sélectionner, sur la vue tridimensionnelle et à l’aide de la souris, un objet appartenant à une des catégories suivantes : nœud, élément, macro-élément. Proto répond alors en donnant le numéro d’identification de l’objet. Inversement, à partir d’un objet connu par son numéro d’identification, il est possible de le localiser de visu sur la géométrie.

- Déformées modales, animation

N’importe quel mode normal peut être représenté sur le maillage géométrique, qu’il soit issu du modèle initial ou d’un modèle perturbé (après réanalyse). Un

coefficient de déformation, positif ou négatif, agit sur l'amplitude et la forme du mode affiché. L'animation du modèle déformé, sous la forme du déroulement rapide d'une séquence de vues enregistrées, permet de mieux appréhender les déplacements de la structure.

- Visualisation de données

Des données relatives aux nœuds (translations pour un mode donné) et aux éléments (énergie cinétique et de déformation, appartenance à un macro-élément) sont visualisables grâce à la coloration indépendante de chaque élément en accord avec une échelle de couleurs prédéfinie. L'utilisateur peut aussi importer et visualiser des données externes.

2.5 Paramétrisation

2.5.1 Macro-éléments

Le découpage de la structure en macro-éléments définit les zones, éventuellement révélées par une méthode de localisation d'erreurs, appelées à subir des corrections paramétriques. Leur création s'opère à partir d'une interface dans laquelle l'utilisateur spécifie un identificateur, un nom, et une liste d'éléments. Si cette dernière est trop longue pour être entrée manuellement, un outil interactif permet de sélectionner les éléments sur une représentation géométrique du modèle à l'aide de la souris.

En préparation à toute réanalyse du modèle, une procédure de décomposition est exigée. Cette action consiste à construire les matrices creuses de masse et de raideur propre à chaque macro-élément en assemblant les matrices élémentaires correspondantes. Une condensation sur les ddl du système réduit intervient éventuellement si on envisage une réanalyse approchée.

2.5.2 Paramètres physiques

L'association entre un paramètre physique et un ou plusieurs macro-éléments est une opération indispensable pour pouvoir effectuer des corrections sur le modèle. Elle est réalisée dans une interface qui inclue aussi la définition de l'identificateur et du type du paramètre. Un large choix de types de paramètre est proposé, applicables selon le type d'éléments : module d'Young, masse volumique, diamètre de section, épaisseur de plaque, etc.

La sensibilité des valeurs propres et des vecteurs propres par rapport aux paramètres peut être calculée et représentée graphiquement. De plus, les valeurs courantes des paramètres sont modifiables manuellement afin d'effectuer ponctuellement une réanalyse. En ce qui concerne les bornes de variation des paramètres actifs, elles doivent être précisées avant le lancement d'une procédure de recalage.

2.6 Repère et ddl communs

L'évaluation de la corrélation entre les données analytiques et expérimentales implique que les deux ensembles puissent être comparés sur des bases communes et bien identifiées. D'une part, il est important qu'ils soient ramenés dans le même repère (position de l'origine et direction des trois axes à préciser par l'utilisateur). D'autre part, une correspondance entre les capteurs et les nœuds du maillage doit être trouvée. La technique mise en œuvre repose sur une transformation par lien rigide entre un capteur et le nœud le plus proche.

2.7 Sélection des données modales actives

La matrice modale d'un modèle n'est pas nécessairement utilisée à l'état brut dans les calculs pour des raisons diverses (bande spectrale d'intérêt, capteurs défectueux, ...). Les fonctions suivantes permettent d'opérer un filtrage et de modifier l'importance relative des données retenues :

- sélection d'une liste active de modes et de fréquences, application d'une pondération (degré de confiance) indépendante sur chaque mode et chaque fréquence ;
- sélection d'une liste active de ddl, application sur chaque ddl sélectionné d'un coefficient de correction (gain ou changement de signe systématique) et d'une pondération (degré de confiance).

2.8 Création de la base de Ritz

En réanalyse approchée, la base de projection qui permet d'obtenir les matrices de masse et de raideur réduites influe fortement sur la précision des solutions propres. C'est pourquoi l'utilisateur doit pouvoir contrôler son contenu en assemblant des bases de vecteurs d'origines diverses. L'interface adéquate autorise une sélection des vecteurs

de la matrice modale initiale, de la matrice modale issue d'une réanalyse, ou d'une autre base.

La base de Ritz bénéficie pleinement de l'apport des vecteurs de résidus statiques. Ceux-ci peuvent être calculés à condition de préciser (selon la méthode présentée dans ce mémoire) le nombre de vecteurs calculés par macro-élément et un nombre de tolérance pour filtrer les valeurs singulières liées à la décomposition des résidus statiques.

2.9 Réanalyse

Proto propose trois possibilités pour le calcul des solutions propres du modèle perturbé :

- la réanalyse approchée par projection sur une base de Ritz ;
- la réanalyse exacte par un algorithme de Lanczos au sein de Matlab ;
- la réanalyse exacte par un algorithme de Lanczos dans MSC/NASTRAN : pendant le recalage, Proto effectue l'exportation automatique des valeurs courantes des paramètres vers MSC/NASTRAN puis importe les modes propres résultants.

2.10 Outils de comparaison

L'estimation de la distance entre le modèle et la structure est basée sur le calcul des erreurs modales et fréquentielles. Un large choix de formulations de ces erreurs est disponible dans Proto : MAC, erreurs relatives, erreurs généralisées, etc. L'affichage est soit graphique (courbes, matrices de comparaison en couleur) soit sous forme de tables. Quant à l'appariage des modes, il est configurable par des critères définis par l'utilisateur. Toutes les techniques présentées en annexe C sont programmées dans le logiciel.

2.11 Méthodes de recalage

L'identification des paramètres menant à un modèle théorique plus proche de la structure réelle est une tâche prioritaire dans Proto. Trois méthodes peuvent être employées. Au delà de leurs différences (interfaces, variables de fonctionnement, programmation), elles sont caractérisées par une certaine uniformité d'emploi, ce qui facilite l'utilisation et la compréhension ; la phase de préparation est semblable, les choix concernant la

réanalyse sont les mêmes. L'organigramme de la figure III.2.1 montre les grandes étapes d'une procédure de recalage dans Proto.

2.11.1 Sensibilité modale

- fonction coût : résidu sur les valeurs propres et/ou les vecteurs propres ;
- optimisation : estimation de la variation optimale des paramètres vis-à-vis des sensibilités par algorithme QP ou moindres carrés.

2.11.2 Recalage modal direct

- fonction coût : résidu sur les valeurs propres et les vecteurs propres ;
- optimisation : recherche directe par algorithme Simplex.

2.11.3 Méthode évolutionnaire

- fonction coût : résidu sur les valeurs propres et les vecteurs propres, ou fonction coût spécifique à l'utilisateur ;
- optimisation : recherche directe dérivée des algorithmes génétiques.

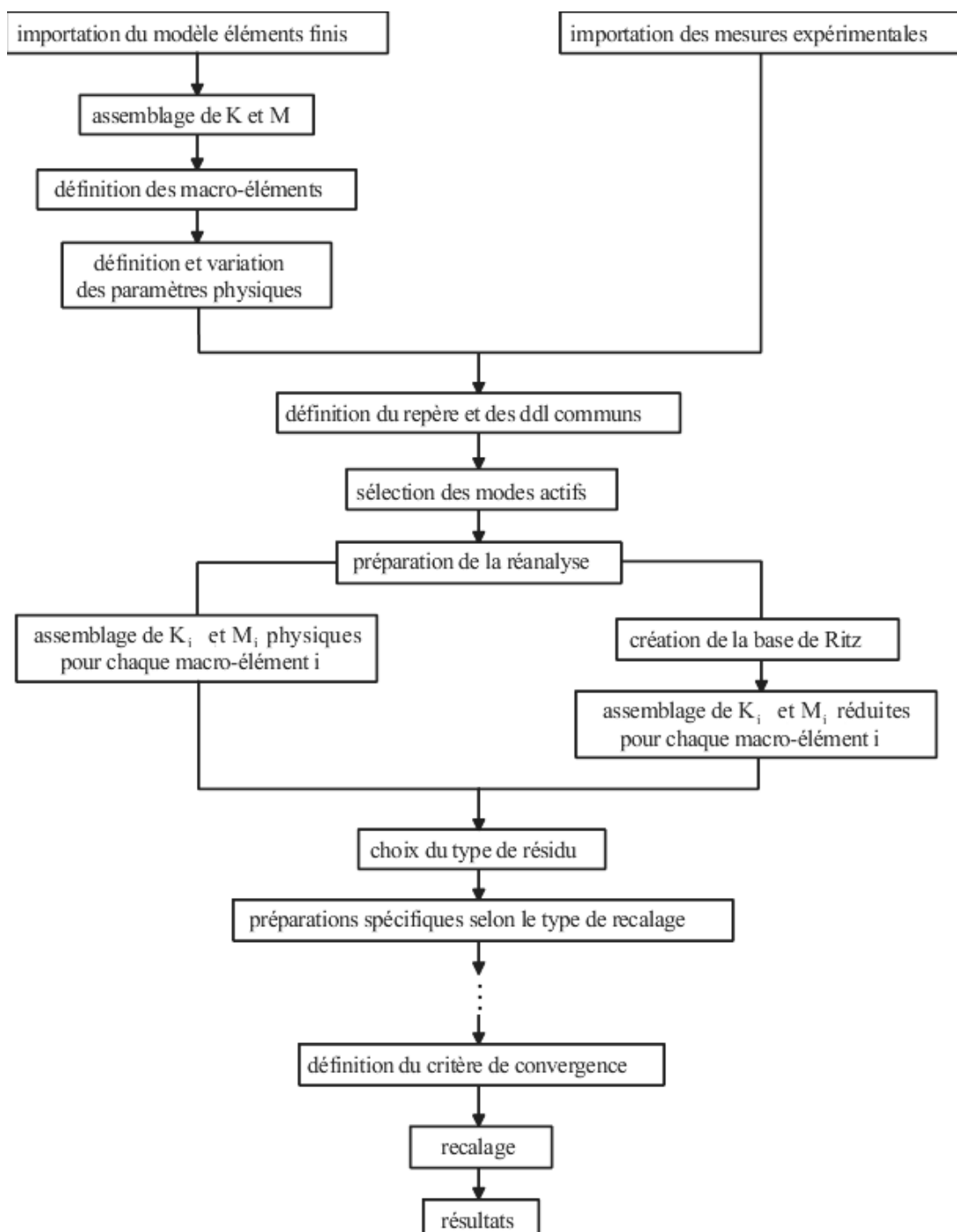


Figure III.2.1 : Présentation synoptique d'une procédure de recalage dans Proto

Conclusion

Le développement du logiciel Proto-Dynamique s'est étendu sur toute la durée de préparation de cette thèse. A présent, un certain nombre de conclusions peuvent être formulées :

- c'est un outil convivial grâce à la conception homogène et simple de ces interfaces utilisateur ;
- dans l'ensemble, ses fonctionnalités bénéficient d'une bonne robustesse d'emploi grâce à une gestion rigoureuse des cas d'erreurs ;
- c'est un logiciel ouvert, l'installation des répertoires d'extension (*utilisateur* et *site*) et la présence des tables de configurations permettent de développer ou de modifier au sein d'un environnement personnalisé ;
- Proto est adapté au recalage de grandes structures : sur une machine possédant les ressources nécessaires, un modèle de plusieurs centaines de ddl n'altère pas les performances, tant en importation, en visualisation, en réanalyse, ou en identification paramétrique.

Notre contribution étant intimement liée à celle des autres auteurs de Proto, il est difficile d'effectuer une distinction dans cet exposé. Cependant, l'effort personnel a surtout porté sur les thèmes de développement suivants :

- la définition des tables de configuration ;
- la création des interfaces utilitaires ;
- la visualisation graphique au sens large (2D et 3D) ;
- les fonctionnalités relatives à l'extension de la base de Ritz et au recalage par méthode évolutionnaire.

Les améliorations à venir concernent principalement :

- la rédaction d'une documentation complète et la mise en place d'une aide en ligne accessible à partir des *modules* ;
- une simplification des démarches à accomplir pour les novices de Proto qui souhaitent développer des interfaces et des méthodes numériques avec le moins de contraintes et le plus rapidement possible ;
- une intégration encore plus poussée des dernières innovations introduites par Matlab.

Conclusion générale

Conclusion générale

La première partie du travail de recherche concernait le développement d'une méthode de réanalyse approchée et son application aux modèles éléments finis des structures de grande taille. Trois techniques ont été testées, elles se distinguaient par le contenu de la base de Ritz utilisée pour projeter les matrices d'état du système perturbé dans un espace réduit de coordonnées généralisées. Sur des critères de corrélation et de mesure des distances entre les solutions approchées et exactes, les comparaisons ont montré un net avantage en faveur d'une base constituée du plus grand nombre de modes initiaux et de vecteurs représentant la contribution statique résiduelle des modes de fréquence plus élevée. La technique proposée pour le calcul des résidus statiques ne dépend pas du nombre de ddl modifiés mais du nombre de macro-éléments concernés par la perturbation.

Dans la deuxième partie, c'est sur l'élaboration d'une méthode d'optimisation directe adaptée à l'identification paramétrique qu'ont porté les efforts. L'algorithme évolutionnaire qui constitue son fondement est un enchaînement d'opérateurs, pour la plupart faisant intervenir le hasard dans leur fonctionnement. Des tests de validation ont permis d'aboutir à une procédure capable de situer les valeurs des paramètres à corriger d'une structure industrielle de taille importante, avec une fonction coût incluant une réanalyse approchée du type de celle préconisée par les études précédentes.

Il faut noter que la convergence de la méthode évolutionnaire n'est pas démontrable. Chaque étape, chaque opérateur, possède à son niveau un certain fondement théorique. Mais l'ensemble, homogène, est dépendant de l'intuition de ces concepteurs qui, par essais et erreurs et hypothèses successives, en arrivent à ce résultat.

Quelques perspectives potentielles de développements à la suite de nos recherches sont suggérées dans les conclusions de chaque partie. De façon générale, le travail contenu dans le présent mémoire peut être jugé comme cohérent dans la mesure où

les études de la première partie sont déterminantes pour la faisabilité de la méthode exposée en deuxième partie, et où finalement les outils concrets qui en résultent sont rendus disponibles dans le logiciel décrit en troisième partie. La contribution qu'il apporte à la mécanique des structures va dans le sens d'une meilleure compréhension des mécanismes du recalage, sans pour autant que les difficultés liées à l'accroissement constant de la complexité de la modélisation ne soient levées. Bien prévoir les phénomènes vibratoires des grandes structures, c'est se donner la possibilité de concevoir des véhicules et appareils plus performants.

Références bibliographiques

Références bibliographiques

relatives à la première partie

- [1] AITRIMOUC H., *Analyse de structures mécaniques modifiées*, Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, n° d'ordre 350, 1993.
- [2] AYER F., *Sensibilité sélective : identification paramétrique et condensation de modèles*, Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, n° d'ordre 575, 1997.
- [3] BALMES E., *Optimal Ritz vectors for component mode synthesis using the singular value decomposition*, AIAA Journal, vol. 34, p. 1256, 1996.
- [4] BALMES E., CRAWLEY E.F., *Experimental / analytical predictive models of damped structural dynamics*, Report, Massachusetts Institute of Technology, 1993.
- [5] BATT J.R., GELLIN S., *Rapid reanalysis by the force method*, Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, vol. 53, p. 105, 1985.
- [6] BENNIGHOF J.K., MULLER M.B., KAPLAN M.F., *Computational costs for large structure frequency response methods*, 38th AIAA/ASME Structures, Structural Dynamics, and Materials Conference and Exhibit, 1997.
- [7] BRINKMAN B.A., *A quantitative study using residual modes to improve dynamic models*, Proc. of 5th International Modal Analysis Conference, p. 671, 1987.
- [8] CAREY C.M.M., GOLUB G.H., LAW K.H., *A Lanczos-based method for structural dynamic reanalysis problems*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 37, p. 2857, 1994.
- [9] CATBAS F.N., AKTAN A.E., ALLEMANG R.J., BROWN D.L., *A correlation function for spatial locations of scaled mode shapes*, Proc. of 16th International Modal Analysis Conference, p. 1550, 1998.

- [10] CHU F.H., WALKER P., *Application of reanalysis techniques in dynamic analysis of spacecraft structures*, Symposium on reanalysis of structural dynamic models, Applied Mechanics Division of the American Society of Mechanical Engineers, vol. 76, p. 95, 1986.
- [11] COGAN S., BERTHOD C., *Approximate reanalysis algorithms for parametric identification procedures*, Brite Euram Project P7666, Contract BRE2.CT94.0974, Task 3 Technical Report, 1995.
- [12] COGAN S., LALLEMENT G., AYER F., BEN-HAIM Y., *Model order reduction by selective sensitivity*, AIAA Journal, vol. 35, p. 557, 1997.
- [13] COGAN S., LALLEMENT G., AITRIMOUC H., *An approximate reanalysis technique for parametric updating using a reduced basis of static residual vectors*, Laboratoire de Mécanique Appliquée R.Chaléat, Besançon.
- [14] COGAN S., *Réanalyse des structures à partir de données expérimentales, rigidification et substitution*, Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, n° d'ordre 166, 1990.
- [15] CRAIG R.R., BAMPTON M.C., *Coupling of substructures for dynamic analyses*, AIAA Journal, vol. 6, p. 1313, 1968.
- [16] CULLUM J.K., WILLOUGHBY R.A., *Lanczos algorithms for large symmetric eigenvalue computations*, Birkhäuser, 1985.
- [17] ELLIOTT K.B., MITCHELL L.D., *The effect of modal truncation on modal modification*, Proc. of 5th International Modal Analysis Conference, p. 72, 1987.
- [18] EMAD N., *The Padé-Rayleigh-Ritz method for solving large hermitian eigenproblems*, Numerical Algorithms, vol. 11, p. 159, 1996.
- [19] ENNAIME S.E., *Contribution à l'identification de structures mécaniques : localisation des défauts dominants et réanalyse, estimation des forces extérieures*, Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, 1996.
- [20] GERADIN M., RIXEN D., *Mechanical vibrations*, Wiley-Masson, 1994.
- [21] GRIMES R.G., LEWIS J.G., SIMON H.D., *A shifted block Lanczos algorithm for solving sparse symmetric generalized eigenproblems*, SIAM Journal on Matrix Analysis and Applications, vol. 14, p. 228, 1993.

- [22] HALL K.C., *Eigenanalysis of unsteady flows about airfoils, cascades, and wings*, AIAA Journal, vol. 32, p. 2426, 1994.
- [23] HEYLEN W., AVITABILE P., *Degree of freedom correlation techniques*, Proc. of 16th International Modal Analysis Conference, p. 207, 1998.
- [24] HORN R.A., JOHNSON C.R., *Matrix analysis*, Cambridge University Press, 1985.
- [25] IMBERT J.-F., *Analyse des structures par éléments finis*, Cépaduès-Éditions, 3^e édition, 1991.
- [26] JENNINGS A., *On bounds for symmetric eigenvalue problems*, Proc. of the conference on Matrix Pencils, Lecture Notes in Mathematics, vol. 973, p. 195, 1982.
- [27] KIRSCH U., LIU S., *Structural reanalysis for general layout modifications*, AIAA Journal, vol. 35, p. 382, 1997.
- [28] KITIS L., PILKEY W.D., *Appendant subsystem design using Ritz vectors*, Symposium on reanalysis of structural dynamic models, Applied Mechanics Division of the American Society of Mechanical Engineers, vol. 76, p. 21, 1986.
- [29] KOH C.G., ANG K.K., XU R., *An eigen-force method for finite element analysis and reanalysis*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 40, p. 777, 1997.
- [30] LEHMANN N.J., *On optimal eigenvalue localization in the solution of symmetric matrix problems*, Numerical Mathematics, vol. 8, p. 42, 1966.
- [31] LUK Y.W., *Reanalysis of modal data using dual modal space structural modification method*, Symposium on reanalysis of structural dynamic models, Applied Mechanics Division of the American Society of Mechanical Engineers, vol. 76, p. 45, 1986.
- [32] MacNEAL R.H., *A hybrid method of component mode synthesis*, Computers and Structures, vol. 1, p. 581, 1971.
- [33] MOLER C.B., STEWART G.W., *An algorithm for generalized matrix eigenvalue problems*, SIAM Journal on Numerical Analysis, vol. 10, p. 241, 1973.
- [34] PAIGE C.C., PARLETT B.N., VAN DER VORST H.A., *Approximate solutions and eigenvalue bounds from Krylov subspaces*, Numerical Linear Algebra with Applications, vol. 2, p. 115, 1995.

- [35] PRZEMIENIECKI J.S., *Theory of matrix structural analysis*, Dover Publications Inc., 1968.
- [36] RAM Y.M., BRAUN S.G., BLECH J.J., *Structural modifications in truncated systems by the Rayleigh-Ritz method*, Journal of Sound and Vibration, vol. 125, n°2, p. 203, 1988.
- [37] RAM Y.M., BRAUN S.G., *Upper and lower bounds for the natural frequencies of modified structures based on truncated modal testing results*, Journal of Sound and Vibration, vol. 137, p. 69, 1990.
- [38] RAM Y.M., BLECH J.J., BRAUN S.G., *Eigenproblem error bounds with application to symmetric dynamic system modification*, SIAM Journal on Matrix Analysis and Applications, vol. 11, n°4, p. 553, 1990.
- [39] RUBIN S., *Improved component-mode representation for structural dynamic analysis*, AIAA Journal, vol. 13, p. 995, 1975.
- [40] SAAD Y., *Numerical methods for large eigenvalue problems*, Manchester University Press, Halsted Press, John Wiley & Sons, 1992.
- [41] SAAD Y., *Projection methods for solving large sparse eigenvalue problems*, Proc. of the conference on Matrix Pencils, Lecture Notes in Mathematics, vol. 973, p. 121, 1982.
- [42] SOHANEY R.C., BONNECASE D., *Residual mobilities and structural dynamic modifications*, Proc. of 7th International Modal Analysis Conference, p. 568, 1989.
- [43] SUN J.G., *Perturbation analysis for the generalized eigenvalue and the generalized singular value problem*, Proc. of the conference on Matrix Pencils, Lecture Notes in Mathematics, vol. 973, p. 221, 1982.
- [44] WANG B.P., *Structural dynamic optimization using reanalysis techniques*, Symposium on reanalysis of structural dynamic models, Applied Mechanics Division of the American Society of Mechanical Engineers, vol. 76, p. 1, 1986.
- [45] WANG B.P., PILKEY W.D., PALAZZOLO A.R., *Reanalysis, modal synthesis and dynamic design*, chap. 8 in State-of-the-art surveys on finite element technology, ASME Publication, 1983.

- [46] WEDIN P.A., *On angles between subspaces of a finite dimensional inner product space*, Proc. of the conference on Matrix Pencils, Lecture Notes in Mathematics, vol. 973, p. 263, 1982.
- [47] ZENG X., ZHANG K., YANG J., *A new dynamic reanalysis method for large structure modification*, Proc. of 16th International Modal Analysis Conference, p. 1598, 1998.

Références bibliographiques relatives à la deuxième partie

- [48] ARORA J.S., ELWAKEIL O.A., CHAHANDE A.I., HSIEH C.C., *Global optimization methods for engineering applications: a review*, Structural Optimization, vol. 9, p. 137, 1995.
- [49] CARPINETTI L.C.R., CHETWYND D.G., *Genetic search methods for assessing geometric tolerances*, Computer Methods in Applied Mechanics and Engineering, vol. 122, p. 193, 1995.
- [50] CARROLL D.L., *Chemical laser modeling with genetic algorithms*, AIAA Journal, vol. 34, p. 338, 1996.
- [51] CHAPMAN C.D., SAITOU K., JAKIELA M.J., *Genetic algorithms as an approach to configuration and topology design*, Journal of Mechanical Design, vol. 116, p. 1005, 1994.
- [52] CHEN T.Y., CHEN C.J., *Improvements of simple genetic algorithm in structural design*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 40, p. 1323, 1997.
- [53] COGAN S., BERTHOD C., *Implementation of a forward estimation procedure for model updating based on genetic algorithms*, Brite Euram Project P7666, Contract BRE2.CT94.0974, Task 3 Technical Report, 1995.

- [54] CUNHA J., *Application des techniques de recalage en dynamique à l'identification des constantes élastiques des matériaux composites*, Thèse de doctorat, Université de Franche-Comté, n° d'ordre 570, 1997.
- [55] FRISWELL M.I., PENNY J.E.T., GARVEY S.D., *A combined genetic and eigen-sensitivity algorithm for the location of damage in structures*, Proc. of the conference on Identification in Engineering Systems, p. 357, 1996.
- [56] FURUKAWA T., YAGAWA G., *Inelastic constitutive parameter identification using an evolutionary algorithm with continuous individuals*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 40, p. 1071, 1997.
- [57] FURUYA H., HAFTKA R.T., *Placing actuators on space structures by genetic algorithms and effectiveness indices*, Structural Optimization, vol. 9, p. 69, 1995.
- [58] GALANTE M., *Genetic algorithms as an approach to optimize real-world trusses*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 39, p. 361, 1996.
- [59] GOLDBERG D.E., *Algorithmes génétiques, exploration, optimisation et apprentissage automatique*, Éditions Addison–Wesley France, 1994.
- [60] HASSAS S., *Les algorithmes génétiques*, Revue française de mécanique, vol. 3, p. 179, 1996.
- [61] HOLLAND J.H., *Adaptation in natural and artificial systems*, University of Michigan Press, Ann Arbor, 1975.
- [62] HUSBANDS P., JERMY G., MacIHLAGGA M., IVES R., *Two applications of genetic algorithms to component design*, Proc. of the 3rd AISB Workshop on Evolutionary Computing, p. 50, 1996.
- [63] LARSON C.B., ZIMMERMAN D.C., *Structural model refinement using a genetic algorithm approach*, Proc. of 11th International Modal Analysis Conference, p. 1095, 1993.
- [64] LEVENICK J.R., *Inserting introns improves genetic algorithm success rate: taking a cue from biology*, Proc. of the 4th International Conference on Genetic Algorithms, p. 123, 1991.
- [65] LIN C.Y., HAJELA P., *Design optimization with advanced genetic search strategies*, Advances in Engineering Software, vol. 21, p. 179, 1994.

- [66] MacKAY B., WILLIS M.J., HIDDEN H.G., MONTAGUE G.A., BARTON G.W., *Identification of industrial processes using genetic programming*, Proc. of the conference on Identification in Engineering Systems, p. 510, 1996.
- [67] MICHALEWICZ Z., *Genetic algorithms + data structures = evolution programs*, Springer-Verlag, 2^o édition, 1992.
- [68] MICHALEWICZ Z., HINTERDING R., MICHALEWICZ M., *Evolutionary algorithms*, in [72], 1997.
- [69] MOLER C., *Random thoughts*, Matlab News & Notes, automne 1995.
- [70] NAIR P.B., MUJUMDAR P.M., *Structural system identification using genetic algorithms*, Proc. of the conference on Identification in Engineering Systems, p. 520, 1996.
- [71] NELSON K.M., *Using evolutionary programming for finite element problems*, Proc. of the 6th International Conference on Evolutionary Programming, p. 397, 1997.
- [72] PEDRYCZ W. (edt), *Fuzzy evolutionary computation*, Kluwer Academic Publishers, 1997.
- [73] POHLHEIM H., *Genetic algorithms: principles, methods and algorithms*, documentation of the Genetic Algorithm Toolbox for use with Matlab, Daimler Benz AG, Research and Technology, 1995.
- [74] RIBEIRO FILHO J.L., TRELEAVEN P.C., ALIPPI C., *Genetic-algorithm programming environments*, Computer, p. 28, juin 1994.
- [75] ROY N., GIRARD A., CHEZZI P., *F.E.M. updating via non linear programming*, Brite Euram Project P7666, Contract BRE2.CT94.0974, Task 3 Technical Report, 1996.
- [76] SHIM P.Y., MANOOCHEHRI S., *Generating optimal configurations in structural design using simulated annealing*, International Journal for Numerical Methods in Engineering, vol. 40, p. 1053, 1997.
- [77] SRINIVAS M., PATNAIK L.M., *Genetic algorithms: a survey*, Computer, p. 17, juin 1994.

- [78] VAN LAARHOVEN P.J.M., AARTS E.H.L., *Simulated annealing: theory and applications*, Kluwer Academic Publishers, 1988.
- [79] WILLFRIED W., *A refined genetic algorithm for parameter optimization problems*, Proc. of the 5th International Conference on Genetic Algorithms, p. 589, 1993.
- [80] WORDEN K., DEACON B.P., *Genetic parameter estimation*, Proc. of the conference on Identification in Engineering Systems, p. 499, 1996.

Références bibliographiques relatives à Proto–Dynamique

- [81] BERTHOD C., *Contribution au développement de PROTO–Dynamique 4.0*, rapport de stage, INTESPACE, 1997.
- [82] ROY N., BUGEAT L.–P., COGAN S., BERTHOD C., *An innovative structural analysis platform for large industrial finite element models*, Proc. of 15th International Modal Analysis Conference, p. 593, 1997.
- [83] ROY N., BUGEAT L.–P., *PROTO–Dynamique 4.0 User’s Guide*, INTESPACE, 1997.
- [84] ROY N., DUPUIS P.–E., BUGEAT L.–P., IMBERT J.–F., *PROTO–Dynamique 3.2, User’s Guide*, INTESPACE, 1995.
- [85] The MathWorks, Inc., *Using MATLAB*, December 1996.

Annexes

Annexe A

Décomposition en valeurs singulières

Les stratégies d’extension de la base de Ritz présentées dans ce mémoire dans le cadre de la réanalyse approchée permettent de calculer des bases de vecteurs dont l’indépendance les uns vis-à-vis des autres n’est a priori pas assurée, tant les méthodes sont non-linéaires et tributaires des erreurs d’arrondis numériques. Cette situation engendre les inconvénients suivants :

- Si les colonnes de la base ne sont pas indépendantes, une procédure d’orthonormalisation, de type Gram-Schmidt ou QR, peut mener à des problèmes de conditionnement.
- Si la base de Ritz est étendue avec une base de vecteurs non orthogonaux, d’une part un sous-ensemble de ces vecteurs ne participent pas à l’amélioration de la qualité des solutions propres du système réduit car ils sont une combinaison linéaire des autres vecteurs, d’autre part la taille du système réduit est inutilement grande et entraîne des temps de calcul plus long.

La technique bien connue de décomposition en valeurs singulière apporte une solution au problème de dépendance ou d’indépendance de vecteurs. Les paragraphes qui suivent donnent la définition de cette factorisation de matrices et proposent une méthode de calcul appropriée aux bases de vecteurs de grande taille.

A.1 Propriétés

Soit $A \in \mathbb{R}^{N,m}$, avec $N > m$. Supposons que A souffre d’une déficience de rang, c’est-à-dire $\text{rang}(A) = k$ avec $k < m$.

Théorème 2 *Soit une matrice A vérifiant les conditions précédemment définie. Alors A peut être écrite sous la forme :*

$$A = V\Sigma W^T \quad (\text{A.1})$$

avec $V \in \mathbb{R}^{N,N}$ et $W \in \mathbb{R}^{m,m}$ matrices unitaires, et $\Sigma \in \mathbb{R}^{N,m}$ matrice diagonale. Les éléments diagonaux de Σ sont tels que :

$$\sigma_{11} \geq \sigma_{22} \geq \dots \geq \sigma_{kk} > \sigma_{k+1,k+1} = \dots = \sigma_{mm} = 0 \quad (\text{A.2})$$

Les termes σ sont appelées valeurs singulières de A . Il est important de noter que le rang de A est égal au nombre de valeurs singulières non nulles de A . Par conséquent, une façon élégante de calculer le rang d'une matrice est d'évaluer ses valeurs singulières et d'associer son rang au nombre de valeurs singulières supérieures à un seuil donné proche de zéro.

Cependant, si le rapport de la plus petite valeur singulière non nulle sur la plus grande est petit, c'est-à-dire $(\sigma_{kk}/\sigma_{11}) < \varepsilon$ avec ε proche de zéro, la détermination du rang est peu précise et incertaine.

A.2 Calcul des vecteurs décomposés

Partant de l'équation A.1, on peut obtenir les relations suivants :

$$AA^T = V\Sigma W^T W \Sigma^T V^T \quad (\text{A.3})$$

$$= V\Sigma^2 V^T \quad (\text{A.4})$$

et

$$A^T A = W \Sigma^T V^T V \Sigma W^T \quad (\text{A.5})$$

$$= W \Sigma^2 W^T \quad (\text{A.6})$$

Ces égalités signifient que les colonnes de V sont les vecteurs propres de la matrice AA^T , et que les colonnes de W sont les vecteurs propres de la matrice $A^T A$, les valeurs propres correspondantes étant dans les deux cas égales aux carrés des valeurs singulières de A .

Revenant maintenant au problème posé en introduction de l'annexe, on souhaite contrôler l'indépendance des colonnes de A afin de ne garder qu'un sous-ensemble de

vecteurs linéairement indépendants. Soit $A^* \in \mathbb{R}^{N,?}$ cette nouvelle matrice dont le nombre de colonnes à déterminer est fonction d'une tolérance donnée.

Les matrices V et W sont toutes deux des ensembles de vecteurs orthogonaux. Seule V possède le même nombre de lignes que A . Mais l'évaluation de V repose d'après A.4 sur la résolution d'un problème aux valeurs propres de taille N , ce qui est exclu car N est typiquement le nombre de ddl du modèle éléments finis. Par contre, trouver W revient à résoudre un problème aux valeurs propres de taille m , qui est par exemple le nombre de modes résiduels calculés, c'est nettement plus raisonnable.

Le problème A.6 fournit donc les m valeurs singulières de A . Un filtrage basé sur un nombre de conditionnement maximum γ_m donné permet ensuite de ne garder qu'un sous-ensemble \mathcal{C} de $r < m$ valeurs singulières :

$$\mathcal{C}(\gamma_m) = \left\{ \sigma_i \mid \frac{\sigma_{11}^2}{\sigma_i^2} \leq \gamma_m \right\} \quad i = 1(1)m \quad (\text{A.7})$$

Soit $W^* \in \mathbb{R}^{m,r}$ la matrice contenant les r premières colonnes de W . En exploitant la relation

$$AW = V\Sigma W^T W = V\Sigma \quad (\text{A.8})$$

on obtient à partir de A et W^* un ensemble de vecteurs décomposés de A , linéairement indépendants :

$$A^* = AW^* \in \mathbb{R}^{N,r} \quad (\text{A.9})$$

Annexe B

Prise en compte des modes de corps rigide

La notation adoptée dans cette annexe est celle relative à la première partie du mémoire.

B.1 Rappels

Il arrive fréquemment que les structures étudiées soient affectées par la présence de modes de corps rigide. C'est le cas pour tous les engins volants puisqu'ils ne sont pas rattachés à un point fixe, les sous-structures analysées en libre-libre, et en général pour toutes les structures souffrant d'un manque de contraintes sur au moins une translation ou une rotation. Concrètement cela se traduit par une matrice K semi-définie positive

$$x^T K x \geq 0 \quad \forall x \in \mathbb{R}^N \text{ non nul} \quad (\text{B.1})$$

et par le fait que K n'est pas inversible. Le problème aux valeurs propres I.1.2 est alors associé à une ou plusieurs (6 maximum) fréquences nulles. Soit n_r le nombre de fréquences nulles, et donc de modes de corps rigide de I.1.2.

La matrice modale Y peut être découpée de la façon suivante :

$$Y = [Y_r \ Y_e] \quad (\text{B.2})$$

où $Y_r \in \mathbb{R}^{N, n_r}$ est l'ensemble des modes de corps rigide de la structure, et $Y_e \in \mathbb{R}^{N, N-n_r}$ l'ensemble des modes élastiques. Les équations suivantes sont alors vérifiées :

$$K Y_r = 0 \quad (\text{B.3})$$

$$Y_r^T M Y_e = 0 \quad (\text{B.4})$$

en d'autres termes le sous-espace des colonnes de Y_r est l'espace nul de K .

Pour la plupart des applications en élastodynamique, les modes de corps rigide ne posent aucun problème et peuvent être ignorés. Mais lors d'une phase de calcul des déplacements statiques de la structure, il est important que l'algorithme qui utilise K^{-1} détecte la présence de modes de corps rigide afin de déclencher un processus spécifique permettant d'éviter les singularités. Les deux méthodes présentées ci-après autorisent, à des niveaux de complexité et d'efficacité différents, la prise en compte de ces modes.

B.2 Décalage spectral

Une façon de contourner le caractère semi-défini positif de K est d'utiliser la technique connue du décalage spectral qui consiste à faire glisser les λ_ν vers la droite du spectre fréquentiel. En notant α la valeur du décalage et d l'indice indiquant les quantités relatives au système décalé, l'équation I.1.2 devient :

$$[K - (\lambda_\nu - \alpha) M] y_\nu^d = 0 \quad (\text{B.5})$$

ou encore :

$$(K^d - \lambda_\nu^d M) y^d = 0 \quad (\text{B.6})$$

avec :

$$K^d = K + \alpha M \quad (\text{B.7})$$

En général la valeur de α est choisie telle que $\alpha \in]0, \omega_{n_r+1}^2[$ où ω_{n_r+1} est la première pulsation propre non nulle du système I.1.2.

La matrice M est définie positive, donc la nouvelle matrice de raideur K^d est définie positive, $(K^d)^{-1}$ existe. Les n_r modes de corps rigide sont maintenant associés à la valeur propre multiple α .

Cependant, cette technique a l'inconvénient de ne pas séparer explicitement la contribution des modes de corps rigide et celle des modes élastiques. De plus, la solution statique de l'équation $KX = F$ est intrinsèquement différente de celle de l'équation $K^d X = F$, ce qui revient à avoir une structure ayant K^d et non K comme matrice de raideur, on a perdu le lien physique avec la structure initiale. Le décalage spectral n'est donc pas recommandé lorsqu'il s'agit de mettre en œuvre une méthode basée sur les réponses statiques.

B.3 Filtrage inertiel

Contrairement à la précédente, cette technique, utilisée par de nombreux auteurs (Gérardin [20], Balmès [3], Rubin [39]), reste physiquement cohérente avec la structure initiale et fait intervenir une matrice de projection afin de filtrer les modes de corps rigide.

Tout d'abord, écrivons l'équation d'équilibre de la dynamique I.1.1 sous sa forme équivalente de d'Alembert :

$$Ky = f + \omega^2 My \quad (\text{B.8})$$

ou :

$$Ky = f^* \quad (\text{B.9})$$

L'équation B.8 revient à considérer un problème statique de la structure soumise à la somme des forces externes et des forces d'inertie. Dans le cas où l'on se place, K est singulière. On peut énoncer le théorème d'algèbre linéaire 3 pour savoir sous quelle condition l'équation B.8 admet une solution.

Théorème 3 Soit $A \in \mathbb{R}^{N,N}$ telle que $\det(A) = 0$, et $b \in \mathbb{R}^N$. Le système linéaire $Ax = b$ possède une solution si et seulement si b est orthogonal à la solution du système linéaire associé $A^T v = 0$, c'est-à-dire si $v^T b = 0$.

En rappelant que K est symétrique, l'analogie entre le théorème 3, l'équation B.3, et l'équation B.9 fournit la relation :

$$Y_r^T f^* = 0 \quad (\text{B.10})$$

Cela signifie que les modes de corps rigide doivent être orthogonaux aux vecteurs de forces. Or f^* peut être écrit sous la forme d'une combinaison linéaire des forces d'inertie associées aux modes de corps rigide et aux modes élastiques :

$$f^* = MY_r a + MY_e b \quad (\text{B.11})$$

où $a \in \mathbb{R}^{n_r}$ et $b \in \mathbb{R}^{N-n_r}$, $\|b\| \neq 0$, sont des vecteurs de coefficients.

Pour que la condition B.10 soit vérifiée, f^* doit être modifié de telle sorte que sa composante due à la structure rigide soit filtrée. On définit ce nouveau vecteur d'entrées par :

$$\bar{f}^* = D^T f^* \quad (\text{B.12})$$

et l'opérateur de filtrage D doit satisfaire :

$$D^T f^* = MY_e b \quad (\text{B.13})$$

Une valeur possible pour D est :

$$D = I_N - Y_r Y_r^T M \quad (\text{B.14})$$

[Démonstration. B.11 et B.13 donnent :

$$MY_e b = D^T (MY_r a + MY_e b) \quad (\text{B.15})$$

d'où :

$$D^{-T} MY_e b = MY_r a + MY_e b \quad (\text{B.16})$$

Prémultiplions B.16 à gauche par Y_r^T , on obtient :

$$a = Y_r^T D^{-T} MY_e b \quad (\text{B.17})$$

Si on reporte B.17 dans B.15, on obtient successivement :

$$MY_e b = D^T (MY_r Y_r^T D^{-T} MY_e b + MY_e b) \quad (\text{B.18})$$

$$I_N = D^T (MY_r Y_r^T D^{-T} + I_N) \quad (\text{B.19})$$

$$D^T = D^T (MY_r Y_r^T + D^T) \quad (\text{B.20})$$

$$I_N = MY_r Y_r^T + D^T \quad (\text{B.21})$$

ce qui est le transposé de B.14.]

Vérifions qu'elle satisfait l'égalité B.13 :

$$D^T f^* = (I_N - MY_r Y_r^T) (MY_r a + MY_e b) \quad (\text{B.22})$$

$$= MY_r a + MY_e b - MY_r Y_r^T MY_r a - MY_r Y_r^T MY_e b \quad (\text{B.23})$$

$$= MY_r a + MY_e b - MY_r a - 0 \quad (\text{B.24})$$

$$= MY_e b \quad (\text{B.25})$$

L'équation B.13 peut fournir une autre solution pour D :

$$D = Y_e Y_e^T M \quad (\text{B.26})$$

[Démonstration. Multiplions B.16 à gauche par Y_e^T , on obtient :

$$Y_e^T D^{-T} MY_e b = b \quad (\text{B.27})$$

$$Y_e^T D^{-T} MY_e = I_{N-n_r} \quad (\text{B.28})$$

d'où :

$$D^T = MY_e Y_e^T \quad (\text{B.29})$$

qui est le transposé de B.26.]

Vérifions que l'égalité B.13 reste vraie :

$$D^T f^* = MY_e Y_e^T (MY_r a + MY_e b) \quad (\text{B.30})$$

$$= MY_e Y_e^T MY_r a + MY_e Y_e^T MY_e b \quad (\text{B.31})$$

$$= 0 + MY_e b \quad (\text{B.32})$$

Mais la matrice de filtrage $D = Y_e Y_e^T M$ a un inconvénient. Le fait que l'on travaille par hypothèse avec une matrice modale Y_e tronquée ne permet pas de l'utiliser. Car si f^* appartient à l'espace vectoriel de l'ensemble des colonnes de Y_e , le filtrage recherché sera incorrect. On élimine donc cette seconde valeur de D .

Dans les écritures précédentes, on a supposé que la matrice d'inertie généralisée de la structure rigide est égale à la matrice unité, soit :

$$M_r = Y_r^T M Y_r = I_{n_r} \quad (\text{B.33})$$

Si ce n'est pas le cas, l'opérateur D défini en B.14 doit être modifié ainsi :

$$D = I_N - Y_r M_r^{-1} Y_r^T M \quad (\text{B.34})$$

Vérifions que l'égalité B.13 est encore satisfaite :

$$D^T f^* = (I_N - MY_r M_r^{-1} Y_r^T) (MY_r a + MY_e b) \quad (\text{B.35})$$

$$= MY_r a + MY_e b - MY_r M_r^{-1} Y_r^T MY_r a - MY_r M_r^{-1} Y_r^T MY_e b \quad (\text{B.36})$$

$$= MY_r a + MY_e b - MY_r M_r^{-1} M_r a - 0 \quad (\text{B.37})$$

$$= MY_e b \quad (\text{B.38})$$

Le choix de l'opérateur de filtrage étant fait, il reste à s'assurer qu'il annule les modes de corps rigide et dans le même temps qu'il n'altère pas les modes élastiques :

$$D Y_r = (I_N - Y_r M_r^{-1} Y_r^T M) Y_r \quad (\text{B.39})$$

$$= Y_r - Y_r M_r^{-1} M_r \quad (\text{B.40})$$

$$= 0 \quad (\text{B.41})$$

et

$$DY_e = (I_N - Y_r M_r^{-1} Y_r^T M) Y_e \quad (\text{B.42})$$

$$= Y_e - Y_r M_r^{-1} Y_r^T M Y_e \quad (\text{B.43})$$

$$= Y_e \quad (\text{B.44})$$

Cette technique projette donc bien la base modale de la structure initiale dans l'espace vectoriel des modes élastiques, et crée ainsi un équilibrage inertiel contraignant le mouvement de corps rigide, quelle que soit la force appliquée.

Pour finir, il faut souligner que le calcul explicite de D peut causer quelques problèmes d'allocation de la mémoire de l'ordinateur dans le cas de gros modèles. En effet $D \in \mathbb{R}^{N,N}$ et D est peu ou pas du tout creuse, contrairement à M .

Annexe C

Analyse corrélacionnelle des solutions modales

Il est quelquefois nécessaire de connaître la distance qui sépare deux modèles caractérisés par leur vecteurs et valeurs propres. C'est le cas par exemple quand on souhaite estimer le degré d'exactitude de solutions propres approchées par rapport aux solutions exactes supposées connues, ou quand on évalue la ressemblance d'un modèle recalé vis-à-vis des données modales identifiées lors d'un test réel.

On dispose pour cela de différents critères de comparaison qui consistent en un calcul d'erreurs, soit entre les modes, soit entre les fréquences de chacun des deux modèles. Ces critères mettent en jeu à chaque fois une paire de solutions propres, un mode ou une fréquence de l'un contre un mode ou une fréquence de l'autre. Un appariage préalable est donc requis afin de définir des paires.

Considérons un modèle c ayant pour solutions propres y_i^c, f_i^c , $i = 1(1)n^c$, et un modèle m dont les solutions propres sont y_j^m, f_j^m , $j = 1(1)n^m$. Les deux modèles possèdent le même nombre de ddl, et les modes y_i^c sont regroupés dans la matrice Y^c et les y_j^m dans Y^m .

C.1 Appariage des modes

L'appariage consiste à trouver les paires de modes (ν, σ) , avec ν et σ entiers tels que $\nu \in [1 n^c]$ et $\sigma \in [1 n^m]$, qui se ressemblent suffisamment pour être considérés comme homologues.

C.1.1 Appariage par calcul de coefficients de projection

La méthode d'appariage la plus simple est mise en œuvre en calculant, pour un mode y_ν^c donné, le vecteur de coefficients c_ν tels que :

$$y_\nu^c = Y^m c_\nu \quad (\text{C.1})$$

Il suffit ensuite d'examiner c_ν pour déterminer σ :

$$c_{\nu\sigma} = \max(c_{\nu j}, j = 1(1)n^m) \quad (\text{C.2})$$

y_σ^m est alors le mode qui se projette le mieux sur y_ν^c .

L'inconvénient de cette méthode de projection est d'aboutir à des situations d'appariage multiple : un même mode y_σ^m se trouve apparié avec plusieurs modes de la base Y^c .

C.1.2 Appariage par optimisation avec contraintes

En général, par exemple dans les cas où l'appariage intervient pour associer un mode calculé à un mode mesuré dans le calcul d'une fonction coût, un appariage unique est préférable. C'est pourquoi des méthodes ont été développées afin de fournir des paires d'indices (ν, σ) sans multiplicité, ce qui implique que certains modes ne sont pas appariés si $n^c \neq n^m$.

L'une d'elles présentée ci-dessous repose sur l'obtention d'une matrice binaire $\Theta \in \mathbb{R}^{n^c, n^m}$ à partir d'une matrice de corrélation $C \in \mathbb{R}^{n^c, n^m}$. C est calculée sur la base d'un critère de comparaison tels que ceux détaillés dans le paragraphe C.3 ci-après (MAC, etc), en considérant tous les $n^c \times n^m$ couples possibles de vecteurs propres.

Supposons qu'avec le critère de comparaison retenu, un terme $C_{i,j}$ est d'autant plus grand que les modes se ressemblent. La matrice Θ est alors obtenue par optimisation linéaire en résolvant l'équation

$$\Theta = \arg \left[\max \left(\sum_{i=1}^{n^c} \sum_{j=1}^{n^m} \Theta_{i,j} C_{i,j} \right) \right] \quad (\text{C.3})$$

avec les contraintes suivantes :

$$\begin{aligned} \text{si } n^c \geq n^m : & \quad \sum_{i=1}^{n^c} \Theta_{i,j} = 1 \quad \forall j \text{ et } \sum_{j=1}^{n^m} \Theta_{i,j} \leq 1 \quad \forall i \\ \text{sinon :} & \quad \sum_{j=1}^{n^m} \Theta_{i,j} = 1 \quad \forall i \text{ et } \sum_{i=1}^{n^c} \Theta_{i,j} \leq 1 \quad \forall j \end{aligned} \quad (\text{C.4})$$

et

$$\Theta_{i,j} = \begin{cases} 0 & \forall i, \forall j \\ 1 & \end{cases} \quad (\text{C.5})$$

Dans les relations C.4, si $n^c \geq n^m$, les contraintes signifient que tous les modes du modèle m doivent trouver un homologue, mais que les modes du modèle c ne doivent pas être choisis plus d'une fois. Finalement les indices en ligne et colonne des termes égaux à 1 dans Θ définissent les paires (ν, σ) recherchées.

C.1.3 Critères d'appariage

Des conditions supplémentaires peuvent être énoncées pour éviter les appariages faibles (quand les modes appariés ne se ressemblent pas suffisamment) ou les appariages litigieux (quand la méthode d'appariage hésite entre deux modes). Elles sont basées sur la valeur des termes appariés de la matrice de comparaison C définie précédemment.

- Valeur minimum : la paire (ν, σ) est retenu si le critère de comparaison est supérieur à un seuil α donné, c'est-à-dire si $C_{\nu,\sigma} \geq \alpha$
- Rapport maximum : la paire (ν, σ) est retenu si le rapport entre le meilleur critère de comparaison (d'indices (ν, σ)) et le deuxième meilleur (d'indice μ en ligne ou colonne) est supérieur à un seuil β donné, c'est-à-dire si $C_{\nu,\sigma}/C_{\mu,\sigma} \geq \beta$, $\mu \neq \nu$, quand $n^c \geq n^m$, ou si $C_{\nu,\sigma}/C_{\nu,\mu} \geq \beta$, $\mu \neq \sigma$, quand $n^c < n^m$.

C.2 Critères de comparaison des fréquences propres

On souhaite calculer un critère d'erreur, une distance, à partir des paires de fréquences issues de l'appariage.

C.2.1 Distance relative

Généralement, l'erreur est obtenue en évaluant la distance relative par rapport à la fréquence la plus élevée :

$$d_f = \frac{|f_\nu^c - f_\sigma^m|}{\max(f_\nu^c, f_\sigma^m)} \quad (\text{C.6})$$

on peut aussi utiliser la demi-somme des fréquences comme diviseur :

$$d_f = \frac{|f_\nu^c - f_\sigma^m|}{\frac{1}{2}(f_\nu^c + f_\sigma^m)} \quad (\text{C.7})$$

C.2.2 Erreur généralisée

La comparaison peut également se faire en termes quadratiques :

$$d_f = \frac{|(f_\nu^c)^2 - (f_\sigma^m)^2|}{(f_\nu^c)^2 + (f_\sigma^m)^2}, \text{ si } (f_\nu^c)^2 + (f_\sigma^m)^2 \neq 0 \quad (\text{C.8})$$

et l'erreur écrite sous cette forme a l'avantage d'être bornée : $0 \leq d_f \leq 1$.

C.3 Critères de comparaison des vecteurs propres

La comparaison de deux vecteurs est plus délicate que celle de deux scalaires, car en plus des non-colinéarités il faut éventuellement mettre en évidence des différences de norme. Un certain nombre de critères d'erreur répond à ce problème (voir Heylen [23], Catbas [9]).

C.3.1 Distance relative

Lorsque la norme des modes à comparer est sensiblement identique, un calcul direct de leur différence est possible. Le caractère adimensionnel du coefficient d'erreur est obtenu en divisant par la demi-somme des normes :

$$d_y = \frac{\|y_\nu^c - y_\sigma^m\|}{\frac{1}{2}(\|y_\nu^c\| + \|y_\sigma^m\|)} \quad (\text{C.9})$$

C.3.2 Critère d'assurance modale

Le MAC, *modal assurance criterion*, permet de traduire la colinéarité des modes à comparer tout en fournissant un coefficient d'erreur borné :

$$MAC = \frac{(y_\nu^{cT} y_\sigma^m)^2}{\|y_\nu^c\|^2 \|y_\sigma^m\|^2} \quad (\text{C.10})$$

$$0 \leq MAC \leq 1 \quad (\text{C.11})$$

Notons que le MAC vaut 1 quand $y_\nu^c = c y_\sigma^m$, avec c scalaire, et 0 quand les vecteurs sont orthogonaux.

C.3.3 Erreur généralisée

Un facteur d'erreur peut être dérivé de l'expression du MAC en considérant son complémentaire à 1 :

$$d_y = \sqrt{1 - \frac{(y_\nu^{cT} y_\sigma^m)^2}{\|y_\nu^c\|^2 \|y_\sigma^m\|^2}} = \sqrt{1 - MAC} \quad (C.12)$$

$$0 \leq d_y \leq 1 \quad (C.13)$$

La racine carrée sert à renforcer l'effet de distance entre les modes fortement colinéaires.

C.3.4 Facteur d'échelle

L'écart de norme entre deux vecteurs peut être évalué par un facteur tel que le MSF, *modal scale factor* :

$$MSF = \frac{y_\nu^{cT} y_\sigma^m}{\|y_\sigma^m\|^2} \quad (C.14)$$

Notons que la valeur obtenue minimise $\|y_\nu^c - MSF y_\sigma^m\|$.

C.3.5 Critère d'assurance modale sur les coordonnées

Le COMAC, *coordinate modal assurance criterion*, renseigne sur la corrélation des modes appariés pour chaque degré de liberté i :

$$COMAC(i) = \frac{\left[\sum_{\nu, \sigma} (y_\nu^c(i) y_\sigma^m(i)) \right]^2}{\sum_{\nu} [y_\nu^c(i)]^2 \sum_{\sigma} [y_\sigma^m(i)]^2} \quad (C.15)$$

Le nombre de termes dans les sommations est égal au nombre de paires de modes révélées par la procédure d'appariage, le COMAC vaut 1 à chaque ddl s'il n'y a qu'une seule paire. Pratiquement, il est nécessaire d'être prudent en ce qui concerne la normalisation des modes car le COMAC est sensible aux différences d'échelle, le MSF est alors un moyen de minimiser cet effet en ramenant les modes appariés à une norme proche.

RÉSUMÉ

Identification paramétrique de grandes structures : réanalyse et méthode évolutionnaire

Les travaux présentés dans ce mémoire ont pour objectif d'apporter une contribution au domaine de l'élastodynamique linéaire et plus particulièrement aux méthodes dites de recalage chargées de réconcilier le modèle analytique d'une structure avec les données expérimentales. Les techniques proposées, en matière de réanalyse et d'identification paramétrique, sont susceptibles d'être appliquées à des modèles industriels de grande taille.

Première partie : Étude de méthodes de réanalyse approchée de structures mécaniques modifiées

Lorsque les paramètres de conception du modèle varient, il est nécessaire d'effectuer une réanalyse afin d'obtenir les solutions propres (modes et fréquences) du système modifié. Une stratégie de réanalyse approchée de type Rayleigh-Ritz est présentée : elle est plus rapide et moins coûteuse qu'une réanalyse exacte, tout en offrant une précision satisfaisante grâce à l'apport des vecteurs de résidus statiques.

Deuxième partie : Application d'une méthode évolutionnaire d'optimisation au recalage de modèles

Dans cette partie, on propose d'adapter une méthode évolutionnaire au problème de l'identification paramétrique. Inspiré par les principes d'évolution des algorithmes génétiques, son fonctionnement repose sur l'information fournie par une fonction coût représentant la distance entre un modèle recalé et la structure réelle. Des opérateurs heuristiques sont introduits afin de favoriser la recherche des solutions qui minimisent la fonction.

Troisième partie : Logiciel Proto-Dynamique

Cette partie vise à présenter l'environnement de travail qui a servi à programmer les techniques formulées dans le mémoire et à réaliser les tests numériques. Proto, écrit en langage Matlab, est une plate-forme de développement regroupant des outils d'analyse et des méthodes de recalage.

ABSTRACT

Parametric identification of large structures : reanalysis and evolutionary programming

The main objective of the present research works is to propose a contribution in the elastodynamic domain by addressing the updating methods. The innovations proposed here lie in the formulation of strategies for the reanalysis and parametric identification problems, practicable for large industrial models.

First part : Approximate reanalysis algorithms

When design parameter values are modified, it is necessary to recalculate the output behavior (eigenvalues and modes) of the new model, but large industrial models preclude the exact reanalysis. Our strategy is based on the Rayleigh-Ritz method and includes the contribution of the static residual vectors. These terms improve the precision of the predicted eigensolutions.

Second part : Implementation of a forward estimation procedure for model updating based on genetic algorithms

We propose to adapt an evolutionary computation method to the parametric identification of large models. Given a cost function (eg model-structure distances), the procedure is able to search throughout the parameter space. Additional heuristic mechanisms are added to localize minima.

Third part : Proto-Dynamique software

This part has for objective to present the environment which allowed to develop the techniques and to perform the numerical tests. Proto is a Matlab application and is organized as an opened platform containing a various number of analysis tools and updating methods.